(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2020년04월06일
(11) 등록번호 10-2097263
(24) 등록일자 2020년03월31일

(51) 국제특허분류(Int. Cl.)
C07K 19/00 (2006.01) *A61K 38/37* (2006.01)
A61P 7/00 (2006.01) *C07K 14/755* (2006.01)
C12N 15/62 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2014-7025699
(22) 출원일자(국제) 2012년07월11일
심사청구일자 2017년07월11일
(85) 번역문제출일자 2014년09월15일
(65) 공개번호 10-2014-0134292
(43) 공개일자 2014년11월21일
(86) 국제출원번호 PCT/US2012/046326
(87) 국제공개번호 WO 2013/122617
국제공개일자 2013년08월22일
(30) 우선권주장
61/599,400 2012년02월15일 미국(US)
(56) 선행기술조사문헌
WO2008077616 A1*
WO2010091122 A1*
*는 심사관에 의하여 인용된 문헌

(73) 특허권자
바이오버라티브 테라퓨틱스 인크.
미국 매사추세츠 (우편번호 02451) 월섬 2엔디 에비뉴 225
(72) 발명자
쉘렌베르거 폴커
미국 94303 캘리포니아주 팔로 알토 모레노 애비뉴 914
창 페이-윤
미국 94025 캘리포니아주 멘로 파크 샤론 로드 2395
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
특허법인코리아나

전체 청구항 수 : 총 38 항 심사관 : 김지윤

(54) 발명의 명칭 **VIII 인자 조성물 및 이를 제조하고 사용하는 방법**

(57) 요 약

본 발명은 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)에 연결된 VIII 인자 응고 인자를 포함하는 조성물, 상기 조성물을 코딩하는 단리된 핵산 및 상기 조성물을 포함하는 벡터 및 숙주 세포, 및 VIII 인자 관련 질환, 장애 및 병증의 치료에서 이 조성물을 제조하고 사용하는 방법에 관한 것이다.

(72) 발명자

바르파즈 파트바르다

미국 94043 캘리포니아주 마운틴 뷰 웨스트 미들필드 로드 777 아파트먼트 140

딩 성

미국 94062 캘리포니아주 레드우드 시티 듀안 스트리트 36 아파트먼트 1

실버맨 조슈아

미국 94087 캘리포니아주 써니베일 다트셔 웨이 829

왕 치아-웨이

미국 95035 캘리포니아주 밀피타스 데이비드 레인 1449

스핑크 벤자민

미국 94070 캘리포니아주 산 카를로스 노섬 애비뉴 379

스템머 빌렘 피

미국 95051 캘리포니아주 로스 가토스 케이시 코트 108

지싱 네이선

미국 95054 캘리포니아주 산타 클라라 가조니 플레이스 2009

컬맨 존

미국 02478 매사추세츠주 벨몬트 크릴리 로드 88

류 통야오

미국 02421 매사추세츠주 렉싱턴 버크만 드라이브 53

토비 게러벳 지

미국 01864 매사추세츠주 노스 리딩 스쿨 힐 레인 9

장 하이얀

미국 02478 매사추세츠주 빌몬트 베이베리 레인 3

피터스 로버트

미국 02492 매사추세츠주 니덤 파킨슨 스트리트 53

왕 데핑

미국 02067 매사추세츠주 샤론 캐넌 볼 로드 52

메이 바이송

미국 02468 매사추세츠주 웨이번 우드워드 스트리트 353

명 세 서

청구범위

청구항 1

적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩타이드 (XTEN) 에 융합된 VIII 인자 폴리펩타이드를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서,

여기서 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)에 상응하는 R1648 에서 FVIII 프로세싱 자리가 제거되고,

여기서 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류의 VIII 인자 폴리펩타이드 내에 삽입되는 것인, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 2

제 1 항에 있어서, 적어도 2 개의 XTEN 을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 3

제 2 항에 있어서, 적어도 2 개의 XTEN 은 서열 번호 2 의 745 번 아미노산 및 서열 번호 2 의 1332 번 아미노산으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자에서의 아미노산에 상응하는 1 개 또는 2 개의 아미노산의 바로 하류에 삽입되는 것인, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 4

제 2 항에 있어서, 적어도 3 개의 XTEN, 적어도 4 개의 XTEN, 적어도 5 개의 XTEN, 또는 적어도 6 개의 XTEN 을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 5

제 4 항에 있어서, 하기와 같은 것인 재조합 VIII 인자 융합 단백질:

i. 적어도 3 개의 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산 및 서열 번호 2 의 18 번 아미노산, 서열 번호 2 의 26 번 아미노산, 서열 번호 2 의 40 번 아미노산, 서열 번호 2 의 399 번 아미노산, 서열 번호 2 의 403 번 아미노산, 서열 번호 2 의 599 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1656 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1711 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1720 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1725 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1900 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1905 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1910 번 아미노산, 및 서열 번호 2 의 2332 번 아미노산으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자에서의 아미노산에 상응하는 하나 이상의 아미노산의 바로 하류에 삽입 또는 융합됨;

ii. 적어도 4 개의 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산 및 서열 번호 2 의 18 번 아미노산, 서열 번호 2 의 26 번 아미노산, 서열 번호 2 의 40 번 아미노산, 서열 번호 2 의 403 번 아미노산, 서열 번호 2 의 409 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1656 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1720 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1900 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1905 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1910 번 아미노산, 및 서열 번호 2 의 2332 번 아미노산으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자에서의 아미노산에 상응하는 하나 이상의 아미노산의 바로 하류에 삽입 또는 융합됨; 또는

iii. 적어도 5 개의 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산 및 서열 번호 2 의 18 번 아미노산, 서열 번호 2 의 403 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1656 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1720 번 아미노산, 서열 번호 2 의 1900 번 아미노산, 및 서열 번호 2 의 2332 번 아미노산으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자에서의 아미노산에 상응하는 하나 이상의 아미노산의 바로 하류에 삽입 또는 융합됨.

청구항 6

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 적어도 36 개 아미노산, 적어도 42 개 아미노산, 적어도 72 개 아미노산, 적어도 96 개 아미노산, 적어도 144 개 아미노산, 또는 적어도 288 개 아미노산을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 7

제 1 항에 따른 재조합 VIII 인자 융합 단백질 및 약제학적으로 허용가능한 담체를 포함하는 약제학적 조성물.

청구항 8

삭제

청구항 9

삭제

청구항 10

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 적어도 144 개 아미노산을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 11

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 적어도 288 개 아미노산을 포함하고, 서열 번호 78 의 아미노산 서열과 적어도 80% 의 서열 상동성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 12

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 19 내지 48 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 90% 의 서열 상동성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 13

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 23, 24, 25, 및 26 으로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 14

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 49, 50, 51, 52, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 78, 79, 279, 281, 283, 285, 287, 289, 291, 293, 295, 297, 299, 301, 303, 305, 307, 309, 311, 313, 315, 317, 319, 321, 323, 325, 327, 329, 331, 333, 335, 337, 339, 341, 343, 345, 347, 349, 및 351 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 90% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 15

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 하나 이상의 XTEN 서열 모티프를 포함하고, 여기서 하나 이상의 XTEN 서열 모티프는 서열 번호 25 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 16

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 49, 50, 51, 52, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 78, 79, 279, 281, 283, 285, 287, 289, 291, 293, 295, 297, 299, 301, 303, 305, 307, 309, 311, 313, 315, 317, 319, 321, 323, 325, 327, 329, 331, 333, 335, 337, 339, 341, 343, 345, 347, 349, 및 351 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 17

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 49, 50, 51, 52, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65, 66, 67, 68, 78, 79, 279, 281, 283, 285, 287, 289, 291, 293, 295, 297, 299, 301, 303, 305, 307, 309, 311, 313, 315, 317, 319, 321, 323, 325, 327, 329, 331, 333, 335, 337, 339, 341, 343, 345, 347, 349, 및 351 로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 18

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50, 52, 67 및 78 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 90% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 19

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50, 52, 67 및 78 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 20

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50, 52, 67 및 78 로 이루어진 군으로부터 선택되는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 21

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 22

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 52 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 23

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 67 과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 24

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 67 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 25

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 78 과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 26

제 1 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 78 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 27

적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩타이드 (XTEN) 에 융합된 VIII 인자 폴리펩타이드를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서,

여기서 적어도 하나의 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류의 VIII 인자 폴리펩타이드 내에 삽입되는 것이고;

여기서 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)에 상응하는 R1648 에서 FVIII 프로세싱 자리가 제거되고;

적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50, 52, 67, 및 78 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 90% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 28

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50, 52, 67, 및 78 로 이루어진 군으로부터 선택된 아미노산 서열과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 29

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 50 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 30

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 52 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 31

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 67 과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 32

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 67 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 33

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 78 과 적어도 95% 의 서열 동일성을 갖는 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 34

제 27 항에 있어서, 적어도 하나의 XTEN 은 서열 번호 78 에 기재된 아미노산 서열을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 35

제 1 항에 있어서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은 하나 이상의 XTEN이 결여된 상응하는 VIII 인자 폴리펩타이드와 비교하여 피험체에 투여될 때 종료 반감기 연장을 나타내는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 36

제 27 항에 있어서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은 하나 이상의 XTEN이 결여된 상응하는 VIII 인자 폴리펩타이드와 비교하여 피험체에 투여될 때 종료 반감기 연장을 나타내는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩타이드 (XTEN) 에 융합된 VIII 인자 폴리펩타이드를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서,

여기서 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)에 상응하는 R1648 에서 FVIII 프로세싱 자리가 제거되고;

여기서 XTEN 은 서열 번호 25, 50, 52, 67 또는 78 로부터 선택된 아미노산 서열을 포함하고;

여기서 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하

류의 VIII 인자 폴리펩타이드 내에 삽입되는 것인, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 41

제 40 항에 있어서, VIII 인자 폴리펩타이드는 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 1-745번 아미노산을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 42

제 41 항에 있어서, VIII 인자 폴리펩타이드는 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 1649-2332번 아미노산을 포함하는, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 43

적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩타이드 (XTEN) 에 융합된 VIII 인자 폴리펩타이드를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서,

여기서 VIII 인자 폴리펩타이드는 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 1-745번 및 1649-2332번 아미노산을 포함하고;

여기서 XTEN 은 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)의 745 번 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류의 VIII 인자 폴리펩타이드 내에 삽입되는 것이고;

여기서 XTEN 은 서열 번호 78 에 기재된 아미노산 서열을 포함하고;

여기서 성숙 네이티브 인간 VIII 인자(서열 번호 2)에 상응하는 R1648 에서 FVIII 프로세싱 자리가 제거된, 재조합 VIII 인자 융합 단백질.

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

청구항 46

삭제

청구항 47

삭제

청구항 48

삭제

청구항 49

삭제

청구항 50

삭제

청구항 51

삭제

청구항 52

삭제

청구항 53

삭제

청구항 54

삭제

청구항 55

삭제

청구항 56

삭제

청구항 57

삭제

청구항 58

삭제

청구항 59

삭제

청구항 60

삭제

청구항 61

삭제

청구항 62

삭제

청구항 63

삭제

청구항 64

삭제

청구항 65

삭제

청구항 66

삭제

청구항 67

삭제

청구항 68

삭제

청구항 69

삭제

청구항 70

삭제

청구항 71

삭제

청구항 72

삭제

청구항 73

삭제

청구항 74

삭제

청구항 75

삭제

청구항 76

삭제

청구항 77

삭제

청구항 78

삭제

청구항 79

삭제

청구항 80

삭제

청구항 81

삭제

청구항 82

삭제

청구항 83

삭제

청구항 84

삭제

청구항 85

삭제

청구항 86

삭제

청구항 87

삭제

청구항 88

삭제

청구항 89

삭제

청구항 90

삭제

청구항 91

삭제

청구항 92

삭제

청구항 93

삭제

청구항 94

삭제

청구항 95

삭제

청구항 96

삭제

청구항 97

삭제

청구항 98

삭제

청구항 99

삭제

청구항 100

삭제

청구항 101

삭제

청구항 102

삭제

청구항 103

삭제

청구항 104

삭제

청구항 105

삭제

청구항 106

삭제

청구항 107

삭제

발명의 설명

기 술 분 야

[0001] **관련 출원에 대한 상호 참조**

[0002] 본원은 2012년 2월 15일자로 출원된 미국 가출원 제61/599,400호(이 출원은 본 명세서에 참조문헌으로 포함됨)에 대한 우선권 이익을 주장한다.

[0003] **서열 목록**

[0004] 본원은 EFS 웹을 통해 ASCII 포맷으로 제출되고 본 명세서에 참조문헌으로 그 전문이 포함된 서열 목록을 포함한다. 2012년 7월 11일자에 생성된 상기 ASCII 카피는 명칭 32887346.txt이고 크기가 13,344,768 바이트이다.

배 경 기 술

[0005] VIII 인자는 혈액 응고 캐스케이드의 고유 경로의 중요한 성분이다. 순환 시, VIII 인자는 주로 복합체화되어 폰빌레브란트 인자(von Willebrand factor)가 된다. 트롬빈(IIa 인자)에 의한 활성화 시, 이는 복합체로부터 해리되어 고유 응고 캐스케이드에서 IXa 인자와 상호작용하여, 결국 X 인자를 활성화한다. 폰빌레브란트 인자 복합체로부터 제거되면, 활성화된 VIII 인자는 활성화된 단백질 C(APC), Xa 인자 및 IXa 인자에 의해 단백질분해로 불활성화되고 혈류로부터 신속히 청소된다. 정상 폰빌레브란트 인자 단백질과 복합체화될 때, VIII 인자의 반감기는 대략 12시간인 반면, 폰빌레브란트 인자의 부재 하에, VIII 인자의 반감기는 2시간으로 감소한다(Tuddenham EG, et al., Br J Haematol. (1982) 52(2):259-267).

[0006] 혈우병에서, 혈액의 응고는 특정한 혈장 혈액 응고 인자의 결여에 의해 방해된다. A형 혈우병은 VIII 인자의 결핍증이고, 혈우병 사례의 80%를 나타내는 열성 반성 X 염색체 질환이다. A형 혈우병의 관리를 위한 관리 표준은 재조합 VIII 인자 농축물에 의한 대체 치료이다. 중증 A형 혈우병을 앓는 피험체는 순환하는 응고촉진 VIII 인자 수준을 정상의 1 내지 2% 미만으로 갖고, 일반적으로 VIII 인자를 용량 간 1% 초과로 유지시키는 것(1주 2회 내지 3회 VIII 인자를 제공함으로써 보통 성취될 수 있음)을 목표로 하는 예방 치료에 있는다. 약간 중증의 혈우병(정상의 2-5%의 VIII 인자 수준)을 앓는 사람은 혈우병 사건의 25 내지 30%를 구성하고 작은 외상 후 출혈을 나타낸다. 경증의 A형 혈우병(정상의 5 내지 40%의 VIII 인자 수준)을 앓는 사람은 모든 혈우병 사건의 15 내지 20%를 포함하고 큰 외상 또는 수술 후에만 출혈을 발생시킨다.

[0007] 외인성으로 제공된 VIII 인자의 *생체내* 활성은 짧은 단백질 반감기 및 VIII 인자에 결합하고 지혈 작용을 감소시키거나 파괴하는 억제제 둘 다에 의해 제한된다.

[0008] 외인성으로 제공된 VIII 인자를 받은 A형 혈우병 환자의 30% 이하는 VIII 인자에 대한 IgG 면역 반응을 시작하고(Towfighi, F., et al. Comparative measurement of anti-factor VIII antibody by Bethesda assay and ELISA reveals restricted isotype profile and epitope specificity. Acta Haematol (2005) 114:84-90), 이의 응고촉진 활성을 완전히 억제하고/하거나 VIII 인자의 더 신속한 청소를 촉진할 수 있다(Briët et al. High titer inhibitors in severe haemophilia A. A meta-analysis based on eight long-term follow-up studies concerning inhibitors associated with crude or intermediate purity factor VIII products. Throm. Haemost. (1994) 72: 162-164). FVIII 억제제라 불리는 IgG 항체는 A2, A3 및 C2 도메인에 대해 주로 지시되지만(Scandella D et al. Localization of epitopes for human factor VIII inhibitor antibodies by immunoblotting and antibody neutralization. Blood (1989) 74:1618-1626), 또한 A1, B 및 C1 도메인에 대해 발생할 수 있다. 그러므로, FVIII 억제제에 의한 환자에 대한 처리 옵션은 제한된다.

[0009] VIII 인자와 같은 큰 단백질은 보통 정맥내 제공되어 약제는 혈류에서 직접적으로 이용 가능하다. 근육내 주사된 비변형 VIII 인자가 정상 혈장 수준의 불과 1.4%의 최대 순환 수준을 생성하는 것으로 이전에 입증되었다(Pool et al, Ineffectiveness of Intramuscularly Injected Factor VIII Concentrate in Two Hemophilic Patients. New England J. Medicine (1966) 275(10):547-548). 정맥내 경로 이외의 경로로 투여되는 제제는 이의 사용을 크게 단순화하고, 안전성을 증가시키고, 실질적으로 비용을 절약시킨다.

[0010] 치료학적 단백질에 대한 화학 변형은 이의 생체내 청소율 및 후속하는 혈청 반감기를 변형시킬 수 있다. 흔한 변형의 일례는 아민기(예를 들면, 라이신 측쇄 또는 N 말단)와 반응하는 PEG 상의 알데하이드 또는 N-하이드록시숙신이미드(NHS)기를 통해 단백질에 통상적으로 커플링된 폴리에틸렌 글라이콜(PEG) 모이어티의 첨가이다. 그러나, 접합 단계는 추출, 정제 및/또는 다른 추가의 과정을 요하는 불균일한 생성물 혼합물의 형성을 발생시킬 수 있고, 이들 모두 생성물 수율 및 품질 관리에 불가피하게 영향을 미친다. 또한, 이의 결합 자리 근처의 아미노산 측쇄가 PEG화 과정에 의해 변형되는 경우 응고 인자의 약리학적 작용은 방해될 수 있다. 다른 접근법은 치료학적 단백질에 대한 Fc 도메인의 유전 융합을 포함하고, 이는 치료학적 단백질의 크기를 증가시켜, 신장을 통한 청소율을 감소시킨다. 몇몇 경우에, Fc 도메인은 FcRn 수용체에 결합하고 이에 의해 리소좀으로부터 재순환되는 능력을 부여하여, 약동학적 반감기를 증가시킨다. 불행하게도, Fc 도메인은 재조합 발현 동안 효과적으로 폴딩하지 않고 봉입체로서 공지된 불용성 침전물을 형성하는 경향이 있다. 이 봉입체는 가용화되어야 하고 기능적 단백질은 미스폴딩된 응집물로부터 복원되어야 하고, 이는 시간 소모적이고 비효율적이며 고가인 과정이다.

발명의 내용

[0011] 본 발명은 신규한 응고 VIII 인자 융합 단백질 조성물 및 이의 용도에 관한 것이다. 구체적으로, 본 명세서에 제공된 조성물은 특히 A형 혈우병, VIII 인자의 결핍증, 출혈 장애 및 응고장애와 관련된 병증의 치료 또는 개선에 사용된다. 일 양태에서, 본 발명은 VIII 인자(FVIII) 및 하나 이상의 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)를 포함하는 단리된 융합 단백질의 조성물을 제공하고, 융합 단백질은 응고촉진 활성을 나타낸다. 이러한 융합 단백질의 작제에 유용한 당해 XTEN은 통상적으로 비반복 서열 및 비구조화 입체구성을 갖는 폴리펩타이드이다. 일 실시형태에서, 하나 이상의 XTEN은 네이티브 인간 VIII 인자, VIII 인자 B 도메인 결실 서열("FVIII BDD") 및 이들의 서열 변이체로부터 선택된 응고 인자 FVIII("CF")에 연결되어(상기 모두 일괄적으로 "FVIII" 또는 "CF"), 재조합 VIII 인자-XTEN 융합 단백질("CFXTEN")을 생성시킨다. CFXTEN의 VIII 인자 폴리펩타이드 성분은 A1 도메인, A2 도메인, C1 도메인, C2 도메인 및 임의로 B 도메인 또는 이의 부분을 포함한다. 몇몇 실시형태에서, FVIII은 산성 a1, a2 및 a3 스페이서를 포함하는 것으로 상기 언급된 도메인의 묘사를 추가로 특징으로 한다. 다른 실시형태에서, 본 개시내용 융합 단백질을 포함하는 약제학적 조성물 및 VIII 인자관련 병증을 치료하기 위한 방법 및 섭생에서의 이의 용도에 관한 것이다. CFXTEN 조성물은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 약동학적 및 약리학적 특성이 증대되어, 더 편리한 투약 및 개선된 효율을 허용할 수 있다.

[0012] 제1 양태에서, 본 발명은 VIII 인자 폴리펩타이드 및 VIII 인자에 연결된 하나 이상의 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질에 관한 것이다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명은 VIII 인자 폴리펩타이드 및 적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서, 상기 VIII 인자 폴리펩타이드가 a1 산성 스페이서 영역을 포함하는 A1 도메인, a2 산성 스페이서 영역을 포함하는 A2 도메인, a3 산성 스페이서 영역을 포함하는 A3 도메인, C1 도메인, C2 도메인 및 임의로 B 도메인의

전부 또는 일부를 포함하고, 상기 적어도 하나의 XTEN이 (ⅰ) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C 말단에서; (ii) B 도메인의 전부 또는 일부가 존재하는 경우 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 B 도메인 내에; (iii) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A1 도메인 내에; (iv) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A2 도메인 내에; (v) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A3 도메인 내에; (vi) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C1 도메인 내에; (vii) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C2 도메인 내에; (viii) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 N 말단에서 또는 (ix) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 2개의 도메인 사이에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고, 융합 단백질이 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 실험실내 응고 검정(in vitro coagulation assay)에 의해 측정될 때 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 100%, 200%, 300%, 400% 또는 500%의 응고촉진 활성을 보유하는 융합 단백질을 제공한다. 일 실시형태에서, 상기 재조합 VIII 인자 융합 단백질에서, 적어도 하나의 XTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 자리의 1개 내지 6개의 아미노산에서 또는 이 내의 자리에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결된다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 VIII 인자 폴리펩타이드 및 적어도 제1 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서, 상기 VIII 인자 폴리펩타이드는 a1 산성 스페이서 영역을 포함하는 A1 도메인, a2 산성 스페이서 영역을 포함하는 A2 도메인, a3 산성 스페이서 영역을 포함하는 A3 도메인, C1 도메인, C2 도메인 및 임의로 B 도메인의 전부 또는 일부를 포함하고, 상기 제1 XTEN은 (ⅰ) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C 말단에서; (ii) B 도메인의 전부 또는 일부가 존재하는 경우 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 B 도메인 내에; (iii) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A1 도메인 내에; (iv) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A2 도메인 내에; (v) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A3 도메인 내에; (vi) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C1 도메인 내에; 또는 (vii) 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C2 도메인 내에 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고; XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자 단백질과 비교할 때, 융합 단백질은 (a) 본 명세서에 기재된 실험실내 응고 검정 또는 당해 분야에 공지된 다른 이러한 검정에서 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 100%, 200%, 300%, 400% 또는 500%의 응고촉진 활성을 보유하고/하거나, (b) 본 명세서에 기재된 *실험실내* 결합 검정 또는 당해 분야에 공지된 다른 이러한 검정에서 항-VIII 인자 항체에 대한 결합 감소를 나타내는 융합 단백질을 제공한다. 일 실시형태에서, 상기 재조합 VIII 인자 융합 단백질에서, 적어도 하나의 XTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 자리의 1개 내지 6개의 아미노산에서 또는 이 내의 자리에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결된다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 VIII 인자 폴리펩타이드 및 적어도 제1 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질로서, 상기 VIII 인자 폴리펩타이드가 a1 산성 스페이서 영역을 포함하는 A1 도메인, a2 산성 스페이서 영역을 포함하는 A2 도메인, a3 산성 스페이서 영역을 포함하는 A3 도메인, C1 도메인, C2 도메인 및 임의로 B 도메인의 전부 또는 일부를 포함하고, 상기 제1 XTEN이 표 6 및 표 7로부터 선택된 삽입 부위에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고, 융합 단백질이 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자 단백질과 비교하여 본 명세서에 기재된 *실험실내* 응고 검정 또는 당해 분야에 공지된 다른 이러한 검정에 의해 측정될 때 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90%, 100%, 200%, 300%, 400% 또는 500%의 응고촉진 활성을 보유하는 융합 단백질을 제공한다. XTEN에 연결되지 않은 VIII 인자 단백질의 비제한적인 예는 네이티브 FVIII, BDD FVIII, pBC100 및 표 1로부터의 서열을 포함한다. 재조합 VIII 인자 융합 단백질의 다른 실시형태에서, VIII 인자 폴리펩타이드는, 최적으로 정렬될 때, 표 1의 서열, 도 3에 도시된 서열 및 도 4에 도시된 서열로 이루어진 군으로부터 선택된 서열과 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는다. 또 다른 실시형태에서, 융합 단백질은 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 B 도메인 내에 또는 임의로 이를 대체하면서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C 말단에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결된 적어도 다른 XTEN을 포함한다. 구체적인 실시형태에서, 융합 단백질은 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 B 도메인 내에 또는 임의로 이를 대체하면서 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함한다. 구체적인 다른 실시형태에서, 융합 단백질은 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C 말단에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결된 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함한다. 일 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은 인간 VIII 인자의 B 도메인 결실 변이체를 포함하고, B 도메인 결실은 도 3에 기재된 전장 인간 VIII 인자 서열을 참조하여 약 741번 내지 약 750번 아미노산 잔기에서의 제1 위치에서 시작하고 1635번 내지 약 1648번 아미노산 잔기에서의 제2 위치에서 종료한다. 다른 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C 말단에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결된 제1 XTEN 서열 및 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 B 도메인 내에 또는 이를 대체하면서 적어도 제2 XTEN을 포함하고, 제2 XTEN은 도 3에 기재된 전장 인간 VIII 인자 서열을 참조하여 약 741번 내지 약 750번 아미노산 잔기의 C 말단 종점 및 1635번 내지 약 1648번 아미노산 잔기의 N 말단 종점에 연결되고, XTEN의 누적 길이는 적어도 약 100개의 아미노산 잔기이다. 일 실시형태에서, 상기 융합 단백질에서, 제2 XTEN은 N745 내지 P1640 또는 S743 내지 Q1638 또는 P747 내지 V1642 또는 N745 내지 Q1656 또는 N745 내지 S1657 또

는 N745 내지 T1667 또는 N745 내지 Q1686 또는 R747 내지 V1642 또는 T751 내지 T1667의 VIII 인자 아미노산을 연결한다. 일 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은, 최적으로 정렬될 때, 표 21로부터 선택된 필적하는 길이의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 91% 또는 적어도 약 92% 또는 적어도 약 93% 또는 적어도 약 94% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 다른 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은 적어도 제2 XTEN, 임의로 제3 XTEN, 임의로 제4 XTEN, 임의로 제5 XTEN 및 임의로 제6 XTEN을 포함하고, 각각의 제2, 제3, 제4, 제5 또는 제6 XTEN은 표 5, 표 6, 표 7 표 8 및 표 9로부터의 삽입 부위로 이루어진 군으로부터 선택된 제2, 제3, 제4, 제5 또는 제6 자리; 성숙 VIII 인자의 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 390번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번 아미노산 잔기의 6개의 아미노산 내의 위치; 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 임의의 2개의 인접한 도메인 사이의 위치(상기 2개의 인접한 도메인은 A1 및 A2 도메인, A2 및 B 도메인, B 및 A3 도메인, A3 및 C1 도메인 및 C1 및 C2 도메인으로 이루어진 군으로부터 선택됨); 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 B 도메인 내의 위치(제2 XTEN은 네이티브 VIII 인자 서열의 약 741번 내지 약 750번 아미노산 잔기의 C 말단 종점 및 1635번 내지 약 1648번 아미노산 잔기의 N 말단 종점에 연결됨); 및 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C 말단에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결된다. 일 실시형태에서, 제1 XTEN은 적어도 10개의 아미노산, 적어도 50개의 아미노산, 적어도 100개의 아미노산, 적어도 200개의 아미노산, 적어도 300개의 아미노산 또는 적어도 400개의 아미노산만큼 제2 XTEN으로부터 분리된다. 적어도 제2 XTEN, 임의로 제3 XTEN, 임의로 제4 XTEN, 임의로 제5 XTEN 및 임의로 제6 XTEN을 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질의 일 실시형태에서, 각각의 XTEN은, 최적으로 정렬될 때, 표 4, 표 13, 표 14, 표 15, 표 16 및 표 17에서의 서열로 이루어진 군으로부터 선택된 필적하는 길이의 XTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 91% 또는 적어도 약 92% 또는 적어도 약 93% 또는 적어도 약 94% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 약 100%의 서열 동일성을 갖는다. 적어도 제2 XTEN, 임의로 제3 XTEN, 임의로 제4 XTEN, 임의로 제5 XTEN 및 임의로 제6 XTEN을 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질의 또 다른 실시형태에서, 바람직한 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은, 피험체에 투여될 때, 적어도 약 3시간 또는 4시간 또는 6시간 또는 12시간 또는 13시간 또는 14시간 또는 16시간 또는 24시간 또는 48시간 또는 72시간 또는 96시간 또는 120시간 또는 144시간 또는 7일 또는 14일 또는 21일의 종료 반감기를 나타내고, 상기 피험체는 인간 및 VIII 인자/폰빌레브란트 인자 이중 넉아웃(knock-out) 마우스로부터 선택된다. 추가로, 이 문단의 실시형태에서, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 항-VIII 인자 항체에 대한 결합 감소 또는 더 높은 보유 응고촉진 활성 또는 둘 다를 나타낸다. 일 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질의 응고촉진 활성은, 각각 실험실내 응고 검정에 의해 평가될 때, XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 항-FVIII 항체의 존재 하에 적어도 30%, 또는 40%, 50%, 80%, 100%, 200%, 300%, 400% 또는 500% 더 높은 응고촉진 활성이다. 일 실시형태에서, 항-VIII 인자 항체에 대한 융합 단백질의 결합 감소는 표 10의 항체 및 VIII 인자 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자로부터의 다중클론 항체로 이루어진 군으로부터 선택된 항-VIII 인자 항체를 사용하여 베데스다(Bethesda) 검정을 이용하여 결정되고, 융합 단백질의 결합 감소 및 보유 응고촉진 활성은 XTEN에 연결되지 않은 VIII 인자와 비교하여 융합 단백질에 대해 적어도 약 2, 4, 6, 8, 10, 12, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 100 또는 200의 베데스다 단위의 더 낮은 베데스다 역가로 입증된다.

[0013] 일 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은, 예를 들면 하나 이상의 XTEN을 포함할 수 있고, XTEN은, 최적으로 정렬될 때, 표 4, 표 13, 표 14, 표 15, 표 16 및 표 17로부터 선택된 하나 이상의 필적하는 길이의 XTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는다.

[0014] 다른 양태에서, 본 발명은 특정한 N 내지 C 말단 구성에서 FVIII 및 하나 이상의 XTEN을 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질에 관한 것이다. CFXTEN 조성물의 일 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 I의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0015] $(XTEN)_x$-CF-$(XTEN)_y$ I

[0016] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, CF는 표 1로부터의 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 본 명세서에 정의된 VIII 인자이고; x는 0 또는 1이며, y는 0 또는 1이고, $x + y \geq 1$이며; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약

96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 따라서, CFXTEN 융합 조성물은 XTEN-CF, XTEN-CF-XTEN 또는 CF-XTEN 구성을 가질 수 있다.

[0017] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 II의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0018] $(XTEN)_x-(S)_x-(CF)-(XTEN)_y$ II

[0019] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, CF는 표 1에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 본 명세서에 정의된 VIII 인자이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; x는 0 또는 1이고, y는 0 또는 1이며, $x + y \geq 1$이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다.

[0020] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 III의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0021] $(XTEN)_x-(S)_x-(CF)-(S)_y-(XTEN)_y$ III

[0022] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, CF는 표 1에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 본 명세서에 정의된 VIII 인자이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; x는 0 또는 1이고, y는 0 또는 1이며, $x + y \geq 1$이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다.

[0023] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 IV의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0024] $(A1)-(XTEN)_u-(A2)-(XTEN)_v-(B)-(XTEN)_w-(A3)-(XTEN)_x-(C1)-(XTEN)_y-(C2)-(XTEN)_z$ IV

[0025] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; B는 B 도메인의 단편 또는 스플라이스 변이체일 수 있는 FVIII의 B 도메인이며; C1은 FVIII의 C1 도메인이고; C2는 FVIII의 C2 도메인이며; v는 0 또는 1이고; w는 0 또는 1이며; x는 0 또는 1이고; y는 0 또는 1이며; y는 0 또는 1이되, 단 $u + v + x + y + z \geq 1$이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다.

[0026] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 V의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0027] $(XTEN)_t-(S)_a-(A1)-(S)_b-(XTEN)_u-(S)_b-(A2)-(S)_c-(XTEN)_v-(S)_c-(B)-(S)_d-(XTEN)_w-(S)_d-(A3)-(S)_e-(XTEN)_x-(S)_e-(C1)-(S)_f-(XTEN)_y-(S)_f-(C2)-(S)_g-(XTEN)_z$ V

[0028] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; B는 B 도메인의 단편 또는 스플라이스 변이체일 수 있는 FVIII의 B 도메인이며; C1은 FVIII의 C1 도메인이고; C2는 FVIII의 C2 도메인이며; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이고; a는 0 또는 1이며; b는 0 또는 1이고; c는 0 또는 1이며; d는 0 또는 1이고; e는 0 또는 1이며; f는 0 또는 1이고; g는 0 또는 1이며; t는 0 또는 1이고; u는 0 또는 1이며; v는 0 또는 1이고; w는 0 또는 1이며, x는 0 또는 1이고; y는 0 또는 1이며; z는 0 또는 1이되, 단 $t + u + v + w + x + y + z \geq 1$이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재

조합 폴리펩타이드이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0029] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 VI의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0030] $(XTEN)_u$-$(S)_a$-(A1)-$(S)_b$-$(XTEN)_v$-$(S)_b$-(A2)-$(S)_c$-$(XTEN)_w$-$(S)_c$-(A3)-$(S)_d$-$(XTEN)_x$-$(S)_d$-(C1)-$(S)_e$-$(XTEN)_y$-$(S)_e$-(C2)-$(S)_f$-$(XTEN)_z$ VI

[0031] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; C1은 FVIII의 C1 도메인이며; C2는 FVIII의 C2 도메인이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; a는 0 또는 1이고; b는 0 또는 1이며; c는 0 또는 1이고; d는 0 또는 1이며; e는 0 또는 1이고; f는 0 또는 1이며; u는 0 또는 1이고; v는 0 또는 1이며; w는 0 또는 1이고, x는 0 또는 1이며; y는 0 또는 1이고; z는 0 또는 1이되, 단 u + v + w + x + y + z ≥ 1이며; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0032] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 VII의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0033] (SP)-$(XTEN)_x$-$(CS)_x$-$(S)_x$-(FVIII_1-745)-$(S)_y$-$(XTEN)_y$-$(S)_y$-(FVIII_1640-2332)-$(S)_z$-$(CS)_z$-$(XTEN)_z$ VII

[0034] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, SP는 신호 펩타이드, 바람직하게는 서열 MQIELSTCFFLCLLRFCFS(서열 번호 1611)를 갖는 신호 펩타이드이고, CS는 표 12에 기재된 개열 서열이며, S는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이고, "FVIII_1-745"는 FVIII 인자의 1-745번 잔기이며, "FVIII_1640-2332"는 FVIII의 1640-2332번 잔기이고, x는 0 또는 1이며, y는 0 또는 1이고, z는 0 또는 1이며, x + y + z > 2이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 VII의 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0035] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 VIII의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0036] (A1)-$(S)_a$-$(XTEN)_v$-$(S)_a$-(A2)-(B1)-$(S)_b$-$(XTEN)_w$-$(S)_b$-(B2)-(A3)-$(S)_c$-$(XTEN)_x$-$(S)_c$-(C1)-$(S)_d$-$(XTEN)_y$-$(S)_d$-(C2)-$(S)_e$-$(XTEN)_z$ VIII

[0037] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; B1은 FVIII의 741번 내지 743-750번 잔기 또는 대안적으로 FVIII의 약 741번 잔기 내지 약 745번 잔기를 가질 수 있는 B 도메인의 단편이고; B2는 FVIII의 1635-1686번 내지 1689번 잔기 또는 대안적으로 FVIII의 약 1640번 잔기 내지 약 1689번 잔기를 가질 수 있는 B 도메인의 단편이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; C1은 FVIII의 C1 도메인이며; C2는 FVIII의 C2 도메인이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; a는 0 또는 1이고; b는 0 또는 1이며; c는 0 또는 1이고; d는 0 또는 1이며; e는 0 또는 1이고; f는 0 또는 1이며; u는 0 또는 1이고; v는 0 또는 1이며; w는 0 또는 1이고, x는 0 또는 1이며; y는 0 또는 1이고; z는 0 또는 1이되, 단 u + v + w + x + y + z ≥ 1이며; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 VIII의 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0038] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 IX의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0039] $(A1_N)$-$(S)_a$-$(XTEN)_t$-$(S)_b$-$(A1_C)$-$(A2_N)$-$(S)_c$-$(XTEN)_u$-$(S)_d$-$(A2_C)$-(B_N)-$(S)_e$-$(XTEN)_v$-$(S)_f$-(B_C)-$(A3_N)$-$(S)_g$-$(XTEN)_w$-

$(S)_h$-$(A3_C)$-$(C1_N)$-$(S)_i$-$(XTEN)_x$-$(S)_j$-$(C1_C)$-$(C2_N)$-$(S)_k$-$(XTEN)_y$-$(S)_l$-$(C2_C)$-$(S)_m$-$(XTEN)_z$ IX

[0040] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, $A1_N$은 적어도 1번(네이티브, 성숙 FVIII에 대해 넘버링됨) 잔기 내지 371번 잔기 이하의 A1 도메인의 단편이고, $A1_c$는 적어도 2번 잔기 내지 372번 잔기 이하의 A1 도메인의 단편이되, $A1_N$ 단편의 서열은 $A1_c$ 단편에서 중복되지 않으며; $A2_N$은 적어도 373번 잔기 내지 739번 잔기 이하의 A2 도메인의 단편이고, $A2_c$는 적어도 374번 잔기 내지 740번 잔기 이하의 A2 도메인의 단편이되, $A2_N$ 단편의 서열은 $A2_c$ 단편에서 중복되지 않으며; B_N은 적어도 741번 잔기 내지 1647번 잔기 이하의 B 도메인의 단편이고, B_c는 적어도 742번 잔기 내지 1648번 잔기 이하의 B 도메인의 단편이되, B_N 단편의 서열은 B_c 단편에서 중복되지 않으며; $A3_N$은 적어도 1649번 잔기 내지 2019번 잔기 이하의 A3 도메인의 단편이고, $A3_c$은 적어도 1650번 잔기 내지 2019번 잔기 이하의 A3 도메인의 단편이되, $A3_N$ 단편의 서열은 $A3_c$ 단편에서 중복되지 않으며; $C1_N$은 적어도 2020번 잔기 내지 2171번 잔기 이하의 C1 도메인의 단편이고, $C1_c$는 적어도 2021번 잔기 내지 2172번 잔기 이하의 C1 도메인의 단편이되, $C1_N$ 단편의 서열은 $C1_c$ 단편에서 중복되지 않으며; $C2_N$은 적어도 2173번 잔기 내지 2331번 잔기 이하의 C2 도메인의 단편이고, $C2_c$는 적어도 2174번 잔기 내지 2332번 잔기 이하의 C2 도메인의 단편이되, $C2_N$ 단편의 서열은 $C2_c$ 단편에서 중복되지 않으며; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이고; a는 0 또는 1이며; b는 0 또는 1이고; c는 0 또는 1이며; d는 0 또는 1이고; e는 0 또는 1이며; f는 0 또는 1이고; g는 0 또는 1이며; h는 0 또는 1이고; i는 0 또는 1이며; j는 0 또는 1이고; k는 0 또는 1이며; l은 0 또는 1이고; m은 0 또는 1이며; t는 0 또는 1이고; u는 0 또는 1이며; v는 0 또는 1이고; w는 0 또는 1이며, x는 0 또는 1이고; y는 0 또는 1이며; z는 0 또는 1이되, 단 $t + u + v + w + x + y + z \geq 1$이고; XTEN은 표 4로부터 선택된 하나 이상의 필적하는 길이의 XTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 IX의 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다. 화학식 IX의 다른 실시형태에서, Z는 1이다. 화학식 IX의 융합 단백질의 다른 실시형태에서, V는 1이고, XTEN은 도 3에 기재된 전장 인간 VIII 인자 서열을 참조하여 약 741번 내지 약 750번 아미노산 잔기의 C 말단 종점 및 1635번 내지 약 1648번 아미노산 잔기의 N 말단 종점에 연결된다. 화학식 IX의 융합 단백질의 다른 실시형태에서, t, u, v, w, x, y 및 z의 합은 2, 3, 4, 5 또는 6이다. 화학식 IX의 다른 실시형태에서, t, u, v, w, x, y 및 z의 합은 2이고, v는 1이며, z는 1이다. 화학식 IX의 융합 단백질의 다른 실시형태에서, t, u, v, w, x, y 및 z의 합은 3이고, v 및 z는 각각 1이며, t, u, w, x 또는 y는 1이다. 화학식 IX의 다른 실시형태에서, t, u, v, w, x, y 및 z의 합은 4이고, v 및 w 및 z는 각각 1이며, t, u, x 또는 y 중 2개는 1이다. 화학식 IX의 융합 단백질의 다른 실시형태에서, XTEN의 누적 길이는 약 84개 내지 약 3000개의 아미노산 잔기이다. 화학식 IX의 다른 실시형태에서, 적어도 하나의 XTEN은 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번 아미노산 잔기로 이루어진 군으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자에서의 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류에 삽입된다. 화학식 IX의 융합 단백질의 다른 실시형태에서, XTEN은 각각 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 자리에서 상기 융합 단백질에 연결된다. 화학식 IX의 융합 단백질의 다른 실시형태에서, XTEN은 각각, 최적으로 정렬될 때, 표 4, 표 13, 표 14, 표 15, 표 16 및 표 17에서의 서열로 이루어진 군으로부터 선택된 필적하는 길이의 XTEN과 비교하여 적어도 약 80% 또는 약 90% 또는 적어도 약 91% 또는 적어도 약 92% 또는 적어도 약 93% 또는 적어도 약 94% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 약 100%의 서열 동일성을 갖는다.

[0041] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 X의 제1 재조합 VIII 인자 폴리펩타이드 및 하기 화학식 XI를 포함하는 제2 폴리펩타이드를 제공한다:

[0042] (A1)-a1-(A2)-a2-[B] X

[0043] a3-(A3)-(C1)-(C2) XI

[0044] 식 중, 제1 폴리펩타이드 및 제2 폴리펩타이드는 융합되거나 이형이합체(heterodimer)로서 존재하고; A1은 VIII 인자의 A1 도메인이며; A2는 VIII 인자의 A2 도메인이고; [B]는 VIII 인자의 B 도메인, 이의 단편이거나 결실되

며; A3은 VIII 인자의 A3 도메인이고; C1은 VIII 인자의 C1 도메인이며; C2는 VIII 인자의 C2 도메인이고; a1, a2 및 a3은 산성 스페이서 영역이며; A1 도메인은 XTEN 허용성 루프(permissive loop)-1(A1-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A1-2) 구역을 포함하고; A2 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A2-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A2-2) 구역을 포함하며; A3 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A3-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A3-2) 구역을 포함하고; XTEN 서열은 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 또는 A3-2 구역 중 적어도 1개로 삽입되며; 재조합 VIII 인자 단백질은 응고촉진 활성을 나타낸다. 이형이합체의 일 실시형태에서, 제1 폴리펩타이드 및 제2 폴리펩타이드는 화학식 (A1)-a1-(A2)-a2-[B]-[a3]-(A3)-(C1)-(C2)를 포함하는 단일 폴리펩타이드 사슬을 형성한다. 상기의 일 실시형태에서, "융합된다"는 펩타이드 결합을 의미한다.

[0045] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 X의 제1 재조합 VIII 인자 폴리펩타이드 및 하기 화학식 XI를 포함하는 제2 폴리펩타이드를 제공한다:

[0046] (A1)-a1-(A2)-a2-[B] X

[0047] a3-(A3)-(C1)-(C2) XI

[0048] 식 중, 제1 폴리펩타이드 및 제2 폴리펩타이드는 융합되거나 이형이합체로서 존재하고; A1은 VIII 인자의 A1 도메인이며; A2는 VIII 인자의 A2 도메인이고; [B]는 VIII 인자의 B 도메인, 이의 단편이거나 결실되며; A3은 VIII 인자의 A3 도메인이고; C1은 VIII 인자의 C1 도메인이며; C2는 VIII 인자의 C2 도메인이고; a1, a2 및 a3은 산성 스페이서 영역이며; XTEN 서열은 a3으로 삽입되고; 재조합 VIII 인자 단백질은 응고촉진 활성을 나타낸다. 이형이합체의 일 실시형태에서, 제1 폴리펩타이드 및 제2 폴리펩타이드는 화학식 (A1)-a1-(A2)-a2-[B]-[a3]-(A3)-(C1)-(C2)를 포함하는 단일 폴리펩타이드 사슬을 형성한다. 상기의 일 실시형태에서, "융합된다"는 펩타이드 결합을 의미한다.

[0049] 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 실시형태에서, XTEN 허용성 루프는 표면 노출된 가요성 루프 구조 내에 포함되고, DSSP 데이터베이스의 수탁 번호 2R7E로서 저장된 성숙 VIII 인자의 2차 구조에 따라 A1-1은 베타 스트랜드 1과 베타 스트랜드 2 사이에 위치하고, A1-2는 베타 스트랜드 11과 베타 스트랜드 12 사이에 위치하고, A2-1은 베타 스트랜드 22와 베타 스트랜드 23 사이에 위치하고, A2-2는 베타 스트랜드 32와 베타 스트랜드 33 사이에 위치하고, A3-1은 베타 스트랜드 38과 베타 스트랜드 39 사이에 위치하고, A3-2는 베타 스트랜드 45와 베타 스트랜드 46 사이에 위치한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A1-1을 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 약 15번 아미노산 내지 약 45번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A1-1은 약 18번 아미노산 내지 약 41번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A1-2를 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 약 201번 아미노산 내지 약 232번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A1-2는 약 218번 아미노산 내지 약 229번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A2-1을 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 약 395번 아미노산 내지 약 421번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A2-1은 약 397번 아미노산 내지 약 418번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A2-2를 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 약 577번 아미노산 내지 약 635번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A2-2는 약 595번 아미노산 내지 약 607번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A3-1을 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 약 1705번 아미노산 내지 약 1732번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A3-1은 약 1711번 아미노산 내지 약 1725번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A3-2를 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 약 1884번 아미노산 내지 약 1917번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A3-2는 약 1899번 아미노산 내지 약 1911번 아미노산으로부터 네이티브 성숙 인간 VIII 인자에서의 구역에 상응한다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, XTEN 서열은 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 또는 A3-2 구역 중 적어도 2개에 삽입된다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, XTEN 서열은 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번 아미노산 잔기로 이루어진 군으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자

에서의 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류에 삽입된다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, 추가의 XTEN 서열은 a3 산성 스페이서 영역으로 삽입된다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, 추가의 XTEN 서열은 1656번 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류의 a3 산 스페이서로 삽입된다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, A1 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A1-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A1-2) 구역을 포함하고, A2 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A2-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A2-2) 구역을 포함하고, A3 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A3-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A3-2) 구역을 포함하고, 추가의 XTEN 서열은 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 또는 A3-2 구역 중 적어도 1개에 삽입된다. 상기 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 다른 실시형태에서, 추가의 XTEN 서열은 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 390번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번 아미노산 잔기로 이루어진 군으로부터 선택된 성숙 네이티브 인간 VIII 인자에서의 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류에 삽입된다. 화학식 X 및 XI 폴리펩타이드의 상기 실시형태에서, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자의 적어도 약 30%, 40%, 50%, 60%, 70% 또는 80% 또는 90%의 응고촉진 활성을 나타내고, 응고촉진 활성은 실험실내 응고 검정에 의해 평가된다.

[0050] 모든 실시형태에서, 폴리펩타이드는 세포 배양 배지에서 발현되고 실험실내 응고 검정에 의해 평가될 때, 예를 들면 0.5IU/㎖ 또는 1.0 또는 1.5 또는 2.0IU/㎖ 초과의 실험실내 응고촉진 활성을 나타낼 수 있다. 응고촉진 활성은 발색 검정, 1단계 응고 검정(예를 들면, aPTT) 또는 둘 다에 의해 측정될 수 있다.

[0051] 재조합 VIII 인자 융합 단백질이 VIII 인자 및 적어도 제1 및 제2 XTEN을 포함하는 몇몇 실시형태에서, 적어도 제1 XTEN은 적어도 10개의 아미노산, 적어도 50개의 아미노산, 적어도 100개의 아미노산, 적어도 200개의 아미노산, 적어도 300개의 아미노산 또는 적어도 400개의 아미노산만큼 적어도 제2 XTEN으로부터 분리된다.

[0052] 재조합 VIII 인자 융합 단백질이 VIII 인자 및 적어도 제1 XTEN 및, 임의로, 적어도 제2 또는 임의로 적어도 제3 또는 임의로 적어도 제4 XTEN을 포함하는 바람직한 실시형태에서, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 항-VIII 인자 항체에 대한 결합 감소를 나타낸다. 결합 감소를 생체내 또는 실험실내 검정에 의해 평가할 수 있다. 일 실시형태에서, 실험실내 검정은 ELISA 검정이고, 융합 단백질에 대한 항-FVIII 항체의 결합은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35% 또는 적어도 약 40% 이상 감소한다. 다른 실시형태에서, 실험실내 검정은 베데스다 검정이고, 융합 단백질의 결합 감소는 XTEN에 연결되지 않은 VIII 인자와 비교하여 융합 단백질에 대해 적어도 약 2, 4, 6, 8, 10, 12, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 100 또는 200의 베데스다 단위의 더 낮은 베데스다 역가로 입증된다. 실험실내 검정에서, 항-VIII 인자 항체는 표 10으로부터 선택된 항체 및 VIII 인자 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자로부터의 다중클론 항체이다. VIII 인자 억제제 항체에 대한 결합 감소를 나타내는 VIII 인자 및 적어도 제1 및 제2 XTEN을 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질의 특정한 실시형태에서, 제1 XTEN은 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 C2 도메인 내의 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고, 제2 XTEN은 상기 VIII 인자 폴리펩타이드의 A1 또는 A2 도메인 내의 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고, 상기 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 VIII 인자 억제제 항체에 대한 결합 감소를 나타내고, VIII 인자 억제제 항체는 A1, A2 또는 C2 도메인 내에 위치한 에피토프(epitope)에 결합할 수 있고, 추가로 융합 단백질은 응고촉진 활성을 나타낸다. 상기 융합 단백질의 일 실시형태에서, 제2 XTEN은 VIII 인자 폴리펩타이드의 A2 도메인 내의 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고, VIII 인자 억제제 항체는 VIII 인자 폴리펩타이드의 A2 도메인에 결합한다. 상기 융합 단백질의 다른 실시형태에서, 제2 XTEN은 VIII 인자 폴리펩타이드의 C2 도메인 내의 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고, VIII 인자 억제제 항체는 VIII 인자 폴리펩타이드의 C2 도메인에 결합한다. 융합 단백질에 대한 항-VIII 인자 항체의 결합은, ELISA 검정에 의해 평가할 때, XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 적어도 약 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35% 또는 40% 감소하고, 항-VIII 인자 항체는 표 10에서의 항체 및 VIII 인자 억제제를 갖는 A형 혈우병 피험체로부터의 다중클론 항체로 이루어진 군으로부터 선택된다. 상기 융합 단백질은 적어도 3개의 XTEN을 추가로 포함할 수 있고, 적어도 제3 XTEN은 B 도메인 내의 자리 또는 이를 대체하는 자리, C 말단에서의 자리, 및 표 7 또는 표 9로부터 선택된 삽입 부위의 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 또는 6개의 아미노산에서의 자리 또는 내의 자리로부터 선택된 자리에서 VIII 인자에 연결된다. 항-VIII 인자 항체에 대한 결합 감소를 갖는 실시형태에서, 융합 단백질은 실험실내 응고 검정(예를 들면, 발색 또는 1단계 응고 검정)에 의해 평가할 때 항-VIII 항체의 존재 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 80%, 100%, 200%, 300%, 400% 또는 500% 이상의 더 큰 응고촉진 활성을 갖는다.

[0053] 모든 실시형태에서, 융합 단백질의 XTEN은, 예를 들면 XTEN이 적어도 36개 또는 적어도 42개 또는 적어도 72개

또는 적어도 96개 또는 적어도 144개 또는 적어도 288개 또는 적어도 400개 또는 적어도 500개 또는 적어도 576개 또는 적어도 600개 또는 적어도 700개 또는 적어도 800개 또는 적어도 864개 또는 적어도 900개 또는 적어도 1000개 또는 적어도 2000개 내지 약 3000개의 아미노산 잔기 또는 심지어 더 많은 잔기를 포함한다는 것을 특징으로 할 수 있고; 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P) 잔기의 합은 XTEN의 전체 아미노산 잔기의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99%를 구성하고; XTEN은 실질적으로 비반복이어서, (ⅰ) 아미노산이 세린이 아닌 경우 XTEN은 동일한 3개의 인접 아미노산을 포함하지 않거나; (ii) XTEN 서열의 적어도 약 80%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 서열 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개의 아미노산으로 이루어진 약 9개 내지 약 14개 또는 약 12개의 아미노산 잔기를 포함하고, 임의의 2개의 인접 아미노산 잔기는 각각의 비중첩 서열 모티프에서 2회 초과로 존재하지 않거나; (iii) XTEN 서열은 10 미만의 하위서열 스코어(subsequence score)를 갖고; XTEN은 GOR 알고리즘에 의해 결정할 때 90% 초과 또는 95% 초과 또는 99% 초과의 무작위 코일 형성을 갖고; XTEN은 챠우-파스만(Chou-Fasman) 알고리즘에 의해 결정할 때 2% 미만의 알파 나선 및 2%의 베타 시트를 갖고; XTEN은 테피토프(TEPITOPE) 알고리즘에 의해 분석할 때 예측된 T 세포 에피토프가 결여되고, 상기 알고리즘에 의한 상기 예측을 위한 테피토프 임계 스코어는 -9의 임계값을 갖고, 상기 융합 단백질은 적어도 약 12시간 또는 적어도 약 24시간 또는 적어도 약 48시간 또는 적어도 약 72시간 또는 적어도 약 96시간 또는 적어도 약 120시간 또는 적어도 약 144시간 또는 적어도 약 21일 이상보다 긴 종료 반감기를 나타낸다. 일 실시형태에서, 재조합 VIII 인자 융합 단백질은 다른 XTEN과 동일하거나 상이할 수 있는 적어도 제2 또는 적어도 제3 또는 적어도 제4 XTEN을 포함한다. 상이한 접근법에 따르면, CFXTEN 융합 단백질의 적어도 제1, 적어도 제2 또는 적어도 제3 또는 적어도 제4 XTEN은 각각, 최적으로 정렬될 때, 표 4, 표 13, 표 14, 표 15, 표 16 및 표 17로부터 선택된 하나 이상의 필적하는 길이의 XTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는다. 또 다른 상이한 접근법에서, CFXTEN 융합 단백질의 적어도 제1, 적어도 제2 또는 적어도 제3 또는 적어도 제4 XTEN은 각각 AE42_1, AE42_2, AE42_3, AG42_1, AG42_2, AG42_3, AG42_4, AE144_1A, AE144_2A, AE144_2B, AE144_3A, AE144_3B, AE144_4A, AE144_4B, AE144_5A, AE144_6B, AG144_1, AG144_2, AG144_A, AG144_B, AG144_C, AG144_F, AG144_3, AG144_4, AE288_1, AE288_2, AG288_1 및 AG288_2로부터 선택된 서열과 비교하여 적어도 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는다.

[0054] 일 실시형태에서, CFXTEN 재조합 VIII 인자 융합 단백질의 VIII 인자 성분은 성숙 인간 VIII 인자에 대해 넘버링된 R1648, Y1680 및 R1689로부터 선택된 1개, 2개 또는 3개의 아미노산 치환을 포함하고, 치환은 알라닌, 글라이신 및 페닐알라닌으로부터 선택된다. 상기 치환의 비제한적인 예는 R1648A, Y1680F 및 R1689A를 포함한다.

[0055] 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 크기 배제 크로마토그래피 또는 필적하는 방법에 의해 측정될 때 적어도 약 1.3 또는 적어도 약 2 또는 적어도 약 3 또는 적어도 약 4 또는 적어도 약 5 또는 적어도 약 6 또는 적어도 약 7 또는 적어도 약 8 또는 적어도 약 9 또는 적어도 약 10의 겉보기 분자량 인자를 나타낸다.

[0056] CFXTEN 융합 단백질의 몇몇 실시형태에서, 하나 이상의 XTEN은 1개 또는 2개 개열 서열을 통해 FVIII에 대한 것이고, 각각은 XIa 인자, XIIa 인자, 칼리크레인, VIIa 인자, IXa 인자, Xa 인자, IIa 인자(트롬빈), 엘라스타제-2, MMP-12, MMP13, MMP-17 및 MMP-20으로 이루어진 군으로부터 선택된 포유동물 프로테아제에 의해 개열 가능하고, 포유동물 프로테아제에 의한 개열 서열에서의 개열은 XTEN 서열로부터 VIII 인자 서열을 방출하고, 방출된 VIII 인자 서열은 비개열 융합 단백질과 비교하여 응고촉진 활성 증가를 나타낸다. 일 실시형태에서, 개열 서열(들)은 XIa 인자에 의해 개열 가능하다.

[0057] 상이한 접근법에 따르면, CFXTEN 융합 단백질은 VIII 인자 폴리펩타이드의 상이한 위치에 위치한 적어도 3개의 XTEN을 포함하고, 상기 상이한 위치는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 자리로부터 1개 내지 6개의 아미노산에서의 또는 이 내의 삽입 위치; 성숙 VIII 인자의 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 390번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번 아미노산 잔기의 1개 내지 6개의 아미노산에서의 또는 이 내의 위치; VIII 인자 서열에서의 임의의 2개의 인접한 도메인 사이의 위치(여기서, 상기 2개의 인접한 도메인은 A1 및 A2, A2 및 B, B 및 A3, A3 및 C1 및 C1 및 C2로 이루어진 군으로부터 선택됨); 도 3에 기재된 전장 인간 VIII 인자 서열을 참조하여 약 741번 내지 약 750번 아미노산 잔기에서의 제1 위치에서 시작하여 1635번 내지 약 1648번 아미노산 잔기에서의 제2 위치에서 종료하는 내부 B 도메인 결실 내의 위치 및 VIII 인자 서열의 C 말단으로부터 선택되고, 다수의 XTEN의 누적 길이는 적어도 약 100개 내지 약 3000개의 아미노산

잔기이고, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 적어도 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90%의 응고촉진 활성을 보유하고, 응고촉진 활성은 실험실내 응고 검정에 의해 평가된다. 상기의 일 실시형태에서, 융합 단백질은 상기 XTEN이 결여된 상응하는 VIII 인자 폴리펩타이드와 비교하여 피험체에 투여될 때 종료 반감기 연장을 나타내고, 상기 융합 단백질은, 피험체에 투여될 때, 적어도 약 3시간 또는 4시간 또는 6시간 또는 12시간 또는 13시간 또는 14시간 또는 16시간 또는 24시간 또는 48시간 또는 72시간 또는 96시간 또는 120시간 또는 144시간 또는 7일 또는 14일 또는 21일의 종료 반감기를 나타낸다. 일 실시형태에서, 피험체는 인간 및 VIII 인자/폰빌레브란트 인자 이중 넉아웃 마우스로 이루어진 군으로부터 선택된다. 상기의 일 실시형태에서, 융합 단백질은 GTPGSGTASSSP(서열 번호 31), GSSTPSGATGSP(서열 번호 32), GSSPSASTGTGP(서열 번호 33), GASPGTSSTGSP(서열 번호 34) 및

[0058] GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP(서열 번호 59)로부터 선택된 서열을 포함하지 않는다. 상기의 다른 실시형태에서, 융합 단백질은

[0059] GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP(서열 번호 59),

[0060] PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS(서열 번호 71) 또는

[0061] PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS(서열 번호 80)로 이루어진 XTEN 서열을 포함하지 않는다.

[0062] 추가의 양태에서, 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 증대된 매개변수를 포함하는 약동학적 특성이 증대된 CFXTEN 융합 단백질에 관한 것이고, 증대된 특성은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 더 긴 종료 반감기, 더 넓은 곡선 하 면적, 혈중 농도가 치료학적 윈도우 내에 있는 시간 증가, 치료학적 윈도우 내의 혈중 농도를 발생시키지만 응고촉진 효과에 필요한 임계 농도를 넘는 혈중 농도를 여전히 발생시키는 연속 용량 사이의 시간 증가 및 시간에 따른 투여될 수 있는 IU 단위의 용량 감소를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 몇몇 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 상기 XTEN이 결여된 상응하는 VIII 인자 폴리펩타이드와 비교하여 피험체에 투여될 때 종료 반감기 연장을 나타낸다. 피험체는 인간 또는 마우스, 예컨대 VIII 인자/폰빌레브란트 인자 이중 넉아웃 마우스일 수 있다. 상기의 일 실시형태에서, CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 피험체에 투여될 때 적어도 약 2배 또는 약 3배 또는 약 4배 또는 약 5배 또는 약 10배 또는 약 20배 더 긴 종료 반감기를 나타낸다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은, 피험체에 투여될 때, 적어도 약 3시간 또는 4시간 또는 6시간 또는 12시간 또는 13시간 또는 14시간 또는 16시간 또는 24시간 또는 48시간 또는 72시간 또는 96시간 또는 120시간 또는 144시간 또는 7일 또는 14일 또는 21일의 종료 반감기를 나타낸다. 다른 실시형태에서, 실시형태의 융합 단백질의 증대된 약동학적 특성은 필적하는 용량으로 피험체에게 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 20배 또는 적어도 약 40배 또는 적어도 약 60배 더 긴 기간 동안 0.01IU/㎖ 또는 0.05IU/㎖ 또는 0.1IU/㎖ 또는 0.2IU/㎖ 또는 0.3IU/㎖ 또는 0.4IU/㎖ 또는 0.5IU/㎖의 임계 농도를 넘는 응고촉진 융합 단백질을 필요로 하는 피험체에서 응고촉진 융합 단백질의 순환하는 혈중 농도를 유지시키는 특성이다. 임계 농도를 넘게 경과한 반감기 및 시간 증가는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 피험체에게 투여되는 투약이 덜 빈번해지게 하고 융합 단백질의 양(몰 당량 단위)을 감소시킨다. 일 실시형태에서, 치료학적 유효 용량 섭생을 이용하는 피험체에 대한 당해 융합 단백질의 투여는 피험체에게 필적하는 용량 섭생을 이용하여 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 융합 단백질의 혈액 수준에 대해 적어도 2의 연속 Cmax 피크 및/또는 Cmin 트로프(trough) 사이에 적어도 2배 또는 적어도 3배 또는 적어도 4배 또는 적어도 5배 또는 적어도 6배 또는 적어도 8배 또는 적어도 10배 또는 적어도 약 20배 또는 적어도 약 40배 또는 적어도 약 60배 이상의 시간을 획득한다.

[0063] 바람직한 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 적어도 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90%의 응고촉진 활성을 보유하고, 응고촉진 활성은 발색 검정 또는 1단계 또는 2단계 응고 검정(이들로 제한되지는 않음)과 같은 실험실내 응고 검정에 의해 평가된다.

[0064] 상이한 접근법에 따르면, 본 발명은 VIII 인자 폴리펩타이드 및 적어도 하나의 연장된 재조합 폴리펩타이드(XTEN)를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공하고, 여기서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드는 A1 도메인, A2 도메인, A3 도메인, C1 도메인, C2 도메인 및 임의로 B 도메인의 전부 또는 일부를 포함하고, 상기 적어도 하나의 XTEN은 18-32번 또는 40번 또는 211-224번 또는 336-403번 또는 599번 또는 745-1640번 또는 1656-1728번 또는 1796-1804번 또는 1900-1912번 또는 2171-2332번 잔기 번호로부터 선택된 삽입 부위에서 상기 VIII 인자 폴리펩타이드에 연결되고; 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 적어도 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90%의 응고촉진 활성을 보유한다. 상기의 일 실시형태에서, 융합 단백질은 적어도 제2 XTEN 또는 적어도 제3 또는 적어도 제4 XTEN을 포함하고, XTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 자리의 1개 내지 6개의 아미노산에서의 또는 이 내의 자리에서 VIII 인자에 연결된다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8, 표 9로부터 선택된 삽입 부위에서, 도 8로부터의 하나 이상의 삽입 위치에서 삽입 위치의 N 또는 C 말단 측에 대한 6개의 아미노산에서 또는 이 내에 및 도 9로부터의 하나 이상의 삽입 범위 내에 상기 FVIII 폴리펩타이드에 연결된 적어도 제2 XTEN 또는 적어도 제3 또는 적어도 제4 XTEN을 추가로 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공하고, 여기서 적어도 2개의 XTEN은 적어도 100개 내지 약 400개의 아미노산의 아미노산 서열에 의해 분리된다.

[0065] 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.3 또는 적어도 2.5이고, 적어도 약 20개의 아미노산 잔기 또는 적어도 약 50개 또는 적어도 약 100개 또는 적어도 약 200개 또는 적어도 약 300개 또는 적어도 약 400개의 아미노산 잔기의 아미노산 서열에 의해 분리된다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 적어도 4개의 XTEN을 포함하고, XTEN은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.3 또는 적어도 2.5 또는 적어도 2.8이고, 융합 단백질에 연결된 XTEN의 4개 중 적어도 3개는 적어도 약 20개의 아미노산 잔기 또는 적어도 약 50개 또는 적어도 약 100개 또는 적어도 약 200개 또는 적어도 약 300개 또는 적어도 약 400개의 아미노산 잔기의 아미노산 서열에 의해 분리되고, 제4 XTEN은 B 도메인(또는 이의 단편) 또는 C 도메인(또는 이의 말단) 내에 있다.

[0066] 몇몇 실시형태에서, 당해 조성물은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 피험체에서 청소 수용체(clearance receptor)에 대한 결합 친화도가 감소하도록 구성된다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII의 결합 친화도의 약 0.01% 내지 30% 또는 약 0.1% 내지 약 20% 또는 약 1% 내지 약 15% 또는 약 2% 내지 약 10% 범위에서 FVIII의 청소 수용체에 대한 결합 친화도를 나타낸다. 다른 실시형태에서, 청소 수용체에 대한 친화도가 감소한 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 능동 청소 감소 및 적어도 약 2배 또는 3배 또는 적어도 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 7배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 9배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 12배 또는 적어도 약 15배 또는 적어도 약 17배 또는 적어도 약 20배 더 긴 상응하는 반감기 증가를 갖는다.

[0067] 일 실시형태에서, 본 발명은 FVIII 및 하나 이상의 XTEN을 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공하고, 여기서 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 생리학적 조건에서 적어도 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 7배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 9배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 15배 또는 적어도 20배 또는 적어도 40배 또는 적어도 60배의 용해도 증가를 나타낸다.

[0068] 추가의 양태에서, 본 발명은 본 명세서에 기재된 임의의 실시형태의 융합 단백질 및 약제학적으로 허용되는 담체를 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다.

[0069] 다른 실시형태에서, 본 발명은 응고 유효량의 약제학적 조성물을 포함하는 피험체에게 투여하는 단계를 포함하는 상기 피험체에서 응고이상(coagulopathy)을 치료하는 방법을 제공한다. 상기 방법의 일 실시형태에서, 상기 투여 후, 응고촉진 VIII 인자의 혈중 농도는 상기 투여 후 적어도 48시간 동안 약 0.05 또는 1 또는 1.5IU/㎖ 이상으로 유지된다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 응고 유효량의 약제학적 조성물을 혈액과 접촉시키는 단계를 포함하는 피험체에서 혈액을 응고시키는 방법을 제공한다.

[0070] 다른 실시형태에서, 본 발명은 치료학적 유효량의 CFXTEN의 약제학적 조성물을 포함하는 조성물을 피험체에게 투여하는 단계를 포함하는 순환하는 VIII 인자의 억제제로 상기 피험체에서 응고이상을 치료하는 방법으로서, 조성물은 필적하는 양을 이용하여 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자를 포함하는 조성물과 비교하여 상기 피험체에서 더 큰 응고촉진 활성을 나타내는 방법을 제공한다. 상기 방법의 일 실시형태에서, 응고이상은 A형 혈우병이다. 다른 실시형태에서, 응고이상은 외상 또는 수술 또는 감염의 결과이다.

[0071] 본 발명은 응고 유효량의 CFXTEN 약제학적 조성물을 포함하는 조성물을 피험체에게 투여하는 단계를 포함하는 상기 피험체에서 출혈 에피소드를 치료하는 방법으로서, 응고 유효량의 융합 단백질은 필적하는 양을 이용하여

상기 피험체에게 투여되고 XTEN에 연결되지 않고 상응하는 VIII 인자와 비교하여 적어도 3배 또는 적어도 4배 또는 적어도 5배 더 긴 기간 동안 출혈 에피소드를 정지시키는 방법을 제공한다. 상응하는 XTEN에 연결되지 않은 VIII 인자의 비제한적인 예는 네이티브 FVIII, 표 1의 서열, BDD-FVIII 및 pCB0114 FVIII를 포함한다.

[0072] 다른 실시형태에서, 본 발명은 A형 혈우병 환자를 치료하기 위한 약제학적 섭생에서 사용하기 위한 CFXTEN 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공하고, 상기 섭생은 CFXTEN 융합 단백질을 포함하는 약제학적 조성물을 포함한다. 약제학적 섭생의 일 실시형태에서, 상기 섭생은 A형 혈우병 환자에서 지혈을 성취하는 데 필요한 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물의 양을 결정하는 단계를 추가로 포함한다. 다른 실시형태에서, A형 혈우병 피험체를 치료하기 위한 약제학적 섭생은 피험체에 2 이상의 연속 용량으로 유효량으로 약제학적 조성물을 투여하는 단계를 포함하고, 투여는 필적하는 용량을 이용하여 투여되고 XTEN에 연결되지 않은 VIII 인자와 비교하여 A형 혈우병 질환과 관련된 적어도 1개, 2개 또는 3개의 매개변수를 적어도 10% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 또는 80% 또는 90% 초과로 개선한다. 개선된 매개변수의 비제한적인 예는 응고촉진 FVIII의 혈중 농도, 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 검정 시간 감소, 1단계 또는 2단계 응고 검정 시간 감소, 출혈 에피소드 발병 지연, 발색 검정 시간 감소, 출혈 검정 시간 감소, 출혈 사건 해결 또는 네이티브 FVIII에 대한 베데스다 역가 감소를 포함한다.

[0073] 다른 양태에서, 본 발명은 CFXTEN 융합 단백질의 임의의 하나의 실시형태의 융합 단백질을 코딩하는 단리된 핵산 서열을 제공한다. 일 실시형태에서, 단리된 핵산은 실시형태의 CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 서열의 보체이다. 일 실시형태에서, 단리된 핵산은 신호 펩타이드를 코딩하는 서열 또는 이의 보체를 추가로 포함하고, 상기 서열은

[0074] ATGCAAATAGAGCTCTCCACCTGCTTCTTTCTGTGCCTTTTGCGATTCTGCTTTAGT(서열 번호 1613)이다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 융합 단백질을 코딩하는 핵산 또는 이의 보체를 포함하는 발현 벡터를 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 상기 발현 벡터를 포함하는 단리된 숙주 세포를 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 발현 벡터를 포함하는 숙주 세포를 제공하는 단계; 숙주 세포를 배양하여 융합 단백질의 제조를 실행하는 단계; 및 융합 단백질을 회수하는 단계를 포함하는 임의의 실시형태의 융합 단백질을 제조하는 방법을 제공한다.

[0075] 일 실시형태에서, 본 발명은, 최적으로 정렬될 때, 표 21로부터 선택된 필적하는 길이의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는 폴리펩타이드를 포함하는 단리된 융합 단백질을 제공한다.

[0076] 다른 실시형태에서, 본 발명은 (a) 최적으로 정렬될 때, 표 21로부터 선택된 필적하는 길이의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는 서열로부터 선택된 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 (b) (a)의 폴리뉴클레오타이드의 보체를 포함하는 단리된 핵산을 제공한다. 다른 실시형태에서, 단리된 핵산은 (a)의 핵산의 5' 말단에 연결된 서열 ATGCAAATAGAGCTCTCCACCTGCTTCTTTCTGTGCCTTTTGCGATTCTGCTTTAGT(서열 번호 1613) 또는 (b)의 3' 말단에 연결된 서열의 보체를 포함한다.

[0077] 재조합 VIII 인자 융합 단백질이 본 명세서에 개시된 특성 중 하나 이상 또는 임의의 조합을 나타낼 수 있는 것이 구체적으로 고려된다.

[0078] **참조문헌에 의한 포함**

[0079] 본 명세서에 언급된 모든 공보, 특허 및 특허 출원은, 각각의 개별적인 공보, 특허 또는 특허 출원이 참조문헌으로 포함된 것으로 구체적으로 및 개별적으로 표시된 것과 동일한 정도로, 본 명세서에 참조문헌으로 포함된다.

도면의 간단한 설명

[0080] 본 발명의 특징 및 이점은 예시적인 실시형태를 기재하는 하기 상세한 설명 및 도면을 참조하여 추가로 설명될 수 있다.

도 1은 프로세싱 및 응고 동안의 도메인의 FVIII 구성 및 공간 배열의 도식적 표시를 나타내고, 네이티브 FVIII 및 B 도메인 결실 변이체 둘 다를 나타내도록 의도된다. A1 도메인은 (FVIII 서열 NCBI 프로테인(Protein) RefSeq NP_000123의 성숙 형태에 대해 넘버링되고 a1 잔기를 포함하는) 1번 내지 372번 잔기 범위이고, A2 도메

인은 373번 내지 740번 잔기 범위이고, B 도메인은 741번 내지 1648번 잔기 범위이고, A3 도메인은 (a3 산성 구역을 포함하는) 1649번 내지 2019번 잔기 범위이고, C1 도메인은 2020번 내지 2172번 범위이고, C2 도메인은 2173번 내지 2332번 잔기 범위이다. BDD 변이체는 741번 내지 1648번 범위의 결실을 포함하고, 일부 잔기가 남거나 잔여 잔기가 남지 않고, 비제한적인 BDD 잔기 서열은 SFSQNPPVLKRHQR(서열 번호 1614)이다. 도 1a는 프로세싱 전의 단일 사슬 FVIII의 도메인 구성을 나타낸다. 화살표는 FVIII의 FVIIIa로의 프로세싱 및 전환에서 개열된 잔기 R372, R740, R1648 및 R1689에서의 자리를 나타낸다. 도 1b는 R1648 잔기에서의 개열에 의해 이형이합체로 프로세싱된 FVIII 분자를 나타내고, A3 도메인의 a3 산성 구역은 A3의 N 말단에서 나타난다. 도 1c는 R372, R740 및 R1689 잔기에서의 개열에 의해 FVIIIa 이형삼합체로 프로세싱된 FVIII 분자를 나타낸다.

도 2는 일반 경로를 발생시키는 내재성 및 외재성 암(arm)을 나타내는 응고 캐스케이드의 도식이다.

도 3은 성숙 인간 VIII 인자의 아미노산 서열(서열 번호 1592)을 도시한다.

도 4는 B 도메인의 부분의 결실을 갖는 VIII 인자 서열(서열 번호 1593)을 도시한다.

도 5는 XTEN(이는 두꺼운 파선으로 보임)에 연결된 FVIII의 CFXTEN 구성의 몇몇 예를 예시한다. 모든 경우에, FVIII은 FVIII의 네이티브 또는 BDD 형태 또는 네이티브 개열 자리를 포함하는 전체 B 도메인이 제거되는 단일 사슬 형태일 수 있다. 도 5a는, 왼쪽에서 오른쪽으로, XTEN이 N 말단, C 말단에 연결되고 2개의 XTEN이 N 및 C 말단에 연결된 단일 사슬 VIII 인자의 3개의 변이를 나타낸다. 도 5b는, 왼쪽에서 오른쪽으로, XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고; XTEN이 C2 도메인의 C 말단에 연결되고; XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고 C2 도메인의 C 말단에 연결되고; XTEN이 A1 도메인의 N 말단 및 A3 도메인의 N 말단에 연결되고; XTEN이 C2 도메인의 C 말단 및 잔여 B 도메인 아미노산을 통해 A3 도메인의 N 말단에 연결되고; XTEN이 A1 도메인의 N 말단, 잔여 B 도메인 아미노산을 통해 A2 도메인의 C 말단 및 C2 도메인의 C 말단에 연결된 성숙 이형이합체 FVIII의 6개의 변이를 나타낸다. 도 5c는, 왼쪽에서 오른쪽으로, XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고, XTEN이 A1 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 A3 도메인의 표면 루프 내에 연결되고; XTEN이 A2 도메인의 표면 루프 내에 연결되고, XTEN이 C2 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 C2 도메인의 C 말단에 연결되고; XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고 C1 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 C 도메인의 C 말단에 연결된 단일 사슬 VIII 인자의 3개의 변이를 나타낸다. 도 5d는, 왼쪽에서 오른쪽으로, XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고, XTEN이 A1 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 A3 도메인의 표면 루프 내에 연결되고; XTEN이 A2 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 C1 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 C2 도메인의 C 말단에 연결되고; XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고, XTEN이 A1 도메인의 표면 루프 내에 연결되고, XTEN이 A3 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 C2 도메인의 C 말단에 연결되고; XTEN이 A1 도메인의 N 말단에 연결되고, XTEN이 B 도메인의 잔여 아미노산을 통해 A3 도메인의 N 말단에 연결되고 XTEN이 C2 도메인의 표면 루프 내에 연결되고; XTEN이 A2 도메인의 표면 루프 내에 연결되고, XTEN이 B 도메인의 잔류 아미노산을 통해 A3 도메인의 N 말단에 연결되고, XTEN이 C1 도메인의 표면 루프 내에 연결되고 XTEN이 C2 도메인의 C 말단에 연결되고; XTEN이 B 도메인 내에 또는 BDD 변이체의 잔여 B 도메인 잔기 사이에 연결된 성숙 이형이합체 FVIII의 6개의 변이를 나타낸다 (그리고, 본 발명은 XTEN이 A2 및 A3 도메인을 연결하여, VIII 인자의 단일 사슬 형태를 생성시키는 모든 네이티브 개열 자리를 포함하는 B 도메인의 전부를 대체하는 변이를 또한 고려한다). 이 도면은 또한 하나 이상의 XTEN 서열이 B 도메인 내에 삽입되고 생성된 융합이 세포내 프로세싱 동안 하나 이상의 자리(예를 들면, R1648 자리)에서 개열되는 모든 변이를 구현한다.

도 6은 XTEN이 B 도메인 내에 삽입되고 C2 도메인의 C 말단에 연결된 CFXTEN 작제물의 그래프 묘사이어서 XTEN에 인접한 VIII 인자의 일부를 커버할 수 있는 VIII 인자를 생성시키는 XTEN의 비구조화 특성을 예시한다. 하부 패널에서, 이 도면은, XTEN이 무작위 코일일 때, 이것이 VIII 인자 억제제 항체의 결합을 차단하는(그렇지 않으면, 삽입의 XTEN 자리에 인접한 에피토프에 친화도를 가짐) 입체 장애를 생성시키는 입체구성을 채택할 수 있다는 것을 도시한다.

도 7은 FVIII 서열 내의 XTEN의 삽입 부위를 동정하기 위해 FVIII B 도메인 결실 서열에서 수행된 다양한 분석의 그래프 묘사이다. 라인 A-H는 각각 X 축에 잔기 번호가 있고, 낮은 값이 XTEN 삽입에 대한 높은 예측된 오차를 갖는 구역을 나타내도록 FVIII BDD 서열에 걸친 Y 축 값의 임의 스케일이다. 라인 A는 도메인 경계를 나타내고; 이 라인에서의 모든 불연속은 XTEN을 수용할 것인 경계를 나타낸다. 라인 B는 엑손 경계를 나타내고; 즉, 라인에서의 단계는 각각 새로운 엑손을 나타낸다. 라인 C는 결정에서의 순서 결여로 인해 X선 구조에서 보이지 않는 구역을 나타낸다. D로 표지된 라인은 각각 월드 와이드 웹사이트 bip.weizmann.ac.il/fldbin/findex(2011년 2월 23일 최근 접근)에서 확인된 프로그램 FoldIndex(문헌[Jaime Prilusky, Clifford E. Felder, Tzviya

Zeev-Ben-Mordehai, Edwin Rydberg, Orna Man, Jacques S. Beckmann, Israel Silman, and Joel L. Sussman, 2005, Bioinformatics based on the Kyte & Doolitlle algorithm] 참조) 및 월드 와이드 웹사이트 strubi.ox.ac.uk/RONN(2011년 2월 23일 최근 접근)에서 확인된 RONN(문헌[Yang,Z.R., Thomson, R., McMeil, P. and Esnouf, R.M. (2005) RONN: the bio-basis function neural network technique applied to the detection of natively disordered regions in proteins Bioinformatics 21: 3369-3376] 참조)을 이용하여 계산된 다수의 순서 예측을 나타낸다. 라인 E 및 F는 진뱅크(GenBank)에서 이용 가능한 11마리의 포유동물로부터의 FVIII 유전자의 다수의 서열 정렬에 기초하여 계산된다. 라인 E는 개별 잔기의 전환을 나타낸다. 라인 F는 FVIII의 3개의 아미노산 분절의 보존을 나타낸다. 라인 G 및 H는 11마리의 포유동물 FVIII 유전자의 다수의 서열 정렬에서 관찰된 갭 및 삽입을 나타낸다. 라인 J는 상기 다수의 측정의 조합에 기초하여 얻은 아미노산 수에 의한 XTEN 삽입점을 기재한다.

도 8은 도 8에 도시되고 실시예 34의 검정에서 확인된 정보를 이용하여 XTEN에 대한 활성 삽입점으로서 확인된 FVIII B 도메인 결실 서열(서열 번호 1594)에서의 자리를 도시한다.

도 9는 도 8 및 또는 실시예 34에 도시된 정보를 이용한 XTEN의 삽입에 확인된 FVIII B 도메인 결실 서열(서열 번호 1595)에서의 자리의 범위와 XTEN의 삽입에 적합한 것으로 생각되는 각각의 삽입점 주위의 아미노산의 범위를 도시한다.

도 10은 도 7에 대해 기재된 삽입점의 확인 이후 분자 생물학 기법을 이용한 다양한 삽입점에서의 단일 XTEN(검정 막대)의 삽입에 의해 생성된 CFXTEN 라이브러리의 어셈블리의 도식이다. 작제물은 발현되고 회수되고, 이후 특성을 증대시키는 이 CFXTEN 구성을 확인하기 위해 FVIII 활성 및 약동학적 특성에 대해 평가된다.

도 11은, 단독의 또는 다양한 길이의 XTEN(검정 막대)에 연결된, FVIII BDD 도메인의 분절이 CFXTEN을 코딩하는 유전자의 라이브러리로 조합 방식으로 어셈블링된(이후 특성을 증대시키는 이 CFXTEN 구성을 확인하기 위해 FVIII 활성 및 약동학적 특성에 대해 평가될 수 있음) CFXTEN 성분 라이브러리의 어셈블리의 도식이다.

도 12는 XTEN(두꺼운 파선으로 도시됨)을 갖는 CFXTEN 구성의 몇몇 예를 예시하고, 특정한 XTEN은 응고촉진 프로테아제에 의해 개열 가능한 개열 서열(검정 삼각형으로 표시됨)을 삽입함으로써 방출 가능하다. 도 12a는 2개의 말단 방출형 XTEN을 갖는 scFVIII을 예시한다. 도 12b는 A3 및 C1 도메인을 연결하는 추가의 방출 불가 XTEN을 갖는 것을 제외하고는 도 12a와 동일한 구성을 예시한다. 도 12c는 2개의 말단 방출형 XTEN을 갖는 성숙 이형이합체 FVIII을 예시한다. 도 12d는 A3 및 C1 도메인을 연결하는 추가의 방출 불가 XTEN을 제외하고는 도 10c와 동일한 구성을 예시한다.

도 13은 XTEN의 어셈블리, 제조 및 평가에서의 대표적인 단계의 도식 흐름도이다.

도 14는 융합 단백질을 코딩하는 CFXTEN 폴리뉴클레오타이드 작제물의 어셈블리에서의 대표적인 단계의 도식 흐름도이다. 개별적인 올리고뉴클레오타이드(501)는 서열 모티프(502), 예컨대 12개 아미노산 모티프("12합체")로 어닐링되고, 이 모티프는 라이브러리로부터의 추가의 서열 모티프에 결찰되어 원하는 길이의 XTEN(504)을 포함하는 풀을 생성하고, BbsI 및 KpnI 제한 자리(503)를 포함하는 더 적은 농도의 올리고(503)에 결찰된다. 결찰 생성물의 생성된 풀은 겔 정제되고 원하는 길이의 XTEN을 갖는 밴드가 절단되어, 스톱퍼 서열(505)을 갖는 단리된 XTEN 유전자를 생성시킨다. XTEN 유전자는 스투퍼(stuffer) 벡터로 클로닝된다. 이 경우, 벡터는 임의의 CBD 서열(506) 및 GFP 유전자(508)를 코딩한다. 이후, BbsI/HindIII로 분해를 수행하여 507 및 508을 제거하고 중지 코돈을 위치시킨다. 이후, 생성된 생성물을 FVIII을 코딩하는 유전자를 포함하는 BbsI/HindIII 분해 벡터로 클로닝하여, FVIII-XTEN 융합 단백질을 코딩하는 유전자(500)를 생성시킨다.

도 15는 CF 및 XTEN을 포함하는 융합 단백질을 코딩하는 유전자의 어셈블리에서의 대표적인 단계의 도식 흐름도이고, 융합 단백질로서 이를 발현하고 회수하고 후보 CFXTEN 생성물로서 이를 평가한다.

도 16은 절두된 XTEN을 생성시키는 공여체 XTEN 서열의 사용을 예시한다. 도 16a는 AG864의 서열(서열 번호 1596)을 제공하고, 밑줄 친 서열은 576개의 서열 길이(서열 번호 1597)를 생성하도록 사용된다. 도 16b는 AG864의 서열(서열 번호 1598)을 제공하고, 밑줄 친 서열은 288개의 서열 길이(서열 번호 1599)를 생성하도록 사용된다. 도 16c는 AG864의 서열(서열 번호 1600)을 제공하고, 밑줄 친 서열은 144개의 서열 길이(서열 번호 1601)를 생성하도록 사용된다. 도 16d는 AE864의 서열(서열 번호 1602)을 제공하고, 밑줄 친 서열은 576개의 서열 길이(서열 번호 1603)를 생성하도록 사용된다. 도 16e는 AE864의 서열(서열 번호 1604)을 제공하고, 밑줄 친 서열은 288개의 서열 길이(서열 번호 1605)를 생성하도록 사용된다. 도 16f는 144개 길이의 4개의 서열(발생 순서에서 각각 서열 번호 1607-1610)(이중 밑줄은 144개의 서열에서의 제1 아미노산을 나타내고, 단일 밑줄은 이 서열의

나머지를 나타냄)을 생성하도록 사용되는 AE864의 서열(서열 번호 1606)을 제공한다.

도 17은 XTEN 구성원소를 FVIII 코딩 서열로 도입하는 상이한 전략을 갖는 VIII 인자-XTEN 발현 벡터의 설계의 도식적 표시이다. 도 17a는 FVIII을 코딩하는 서열의 3' 말단에 융합된 XTEN을 코딩하는 발현 벡터를 나타낸다. 도 17b는 단일 FVIII을 코딩하는 코딩 서열의 중간에 삽입된 XTEN 구성원소를 코딩하는 발현 벡터를 도시한다. 도 17c는 2개의 XTEN 구성원소를 코딩하는 발현 벡터를 도시하고: 1개는 FVIII 코딩 서열의 내부에 삽입되고 다른 것은 FVIII 코딩 서열의 3' 말단에 융합된다.

도 18은 XTEN을 코딩하는 유전자의 조합 유전자 어셈블리의 과정을 예시한다. 이 경우, 유전자는 6개의 기저 단편으로부터 어셈블링되고 각각의 단편은 4개의 상이한 코돈 버전(A, B, C 및 D)으로 이용 가능하다. 이는 12개 아미노산 모티프의 어셈블리에서 4096개의 이론적 다양성을 허용한다.

도 19는 실시예 41에 기재된 바대로 피하로 또는 정맥내로 투여되는 다양한 길이의 비구조화 폴리펩타이드에 연결된 GFP의 상이한 조성물의 단일 용량 후 사이노몰거스 원숭이에서의 약동학적 프로파일(혈장 농도)을 나타낸다. 조성물은 GFP-L288, GFP-L576, GFP-XTEN_AF576, GFP-Y576 및 XTEN_AD836-GFP이다. 혈액 샘플을 주사 후 다양한 시간에서 분석하고, 포획을 위한 GFP에 대한 다중클론 항체 및 검출을 위한 동일한 다중클론 항체의 바이오티닐화 제제를 사용하여 ELISA에 의해 혈장 중의 GFP의 농도를 측정한다. 결과는 투약 후 시간(h)에 대해 혈장 농도로서 표시되고, 가장 긴 서열 길이의 XTEN을 갖는 조성인 XTEN_AD836-GFP에 대한 반감기의 특히 상당한 증가를 나타낸다. 가장 짧은 서열 길이를 갖는 작제물인 GFP-L288은 가장 짧은 반감기를 갖는다.

도 20은 GFP의 N 말단에 융합된 XTEN_AE864의 융합 단백질의 안정성 연구로부터의 샘플의 SDS-PAGE 겔을 나타낸다(실시예 42 참조). GFP-XTEN을 37℃에서 7일 이하 동안 사이노몰거스 혈장 및 래트 신장 용해물 중에 항온처리한다. 또한, 사이노몰거스 원숭이에 투여된 GFP-XTEN을 또한 평가한다. 샘플을 0일, 1일 및 7일에 꺼내고, SDS PAGE에 의해 분석한 후, GFP에 대해 항체에 의해 웨스턴 분석을 이용하여 검출한다.

도 21은 공지된 분자량의 단백질 표준품에 대해 측정된 글루카곤-XTEN 작제물 샘플의 크기 배제 크로마토그래피 분석의 결과를 나타내고, 그래프는 실시예 40에 기재된 바대로 보유 용적에 대한 흡광도로서 표시된다. 글루카곤-XTEN 작제물은 1) 글루카곤-Y288; 2) 글루카곤Y-144; 3) 글루카곤-Y72; 및 4) 글루카곤-Y36이다. 결과는 XTEN 모이어티의 길이 증가에 따른 겉보기 분자량의 증가를 나타낸다(데이터의 경우 실시예 40 참조).

도 22는 지정된 작제물로 형질전환된 세포의 세포 배양에 의해 발현된 단백질의 웨스턴 블롯의 결과를 나타낸다(실시예 25). 레인 1-12에서의 샘플은 하기와 같다: 각각 MW 표준품, FVIII(42.5ng), pBC0100B, pBC0114A, pBC0100, pBC0114, pBC0135, pBC0136, pBC0137, pBC0145, pBC0149 및 pBC0146. 레인 8, 9 및 12는 예상 MW가 95kDa인 C 말단 XTEN288을 갖는 FVIII과 일치하는 밴드를 나타낸다. 레인 7 및 11은 예상 MW가 175kDa인 C 말단 XTEN42를 갖는 FVIII과 일치하는 밴드를 나타낸다. 레인 2-6은 FVIII 및 중쇄와 일치하는 밴드를 나타낸다. 레인 10 및 23은 중쇄와 일치하는 밴드를 나타낸다. 레인 7은 중쇄 및 부착된 XTEN42와 일치하는 밴드를 나타낸다.

도 23은 실시예 36에 기재된 바대로 유체 역학 플라즈미드 DNA 주사에 의한 FVIII 및 폰빌레브란트 인자 이중 넉아웃 마우스로부터 얻은 샘플에서의 FVIII 검정의 결과를 나타낸다.

도 24는 실시예 30에 기재된 바대로 HemA 또는 FVIII/VWF 이중 넉아웃 마우스에 투여된 rBDD-FVIII 및 정제된 CFXTEN 융합 단백질 pBC0145 및 pBC0146(C 말단 XTEN을 가짐)의 약동학적 특성의 그래프 및 도표 묘사이고, 마우스의 균주 둘 다에서 CFXTEN의 증대된 반감기를 나타낸다.

도 25는 HemA 마우스에서 세포 배양 PK 검정을 이용한 HemA(도 25a) 또는 FVIII/VWF 이중 넉아웃 마우스(도 25b)로 투여된 rBDD-FVIII 및 CFXTEN 융합 단백질 pSD0050 및 pSD0062(내부 삽입된 XTEN을 가짐)의 약동학적 특성의 그래프 및 도표 묘사이다. 용량, 5-분 회수 및 반감기(T1/2)는, 실시예 32에 기재된 바대로, 도시되어 있고, 마우스의 균주 둘 다에서 양성 대조군 FVIII과 비교하여 CFXTEN의 증대된 회수 및 반감기가 밑줄 표시된다.

도 26은 18번, 745번 및 2332번 잔기에서의 3개의 144개 아미노산 XTEN 삽입을 갖는 pBC0114 BDD-FVIII 및 CFXTEN 작제물 LSD0049.002를 사용한 GMA8021 FVIII 억제제의 적정의 그래프 도식이다. 데이터는 FVIII 양성 대조군과 비교하여 CFXTEN을 50% 수준으로 억제하는 데 필요한 ㎍/㎖ 단위의 항체의 양에서 대략 0.7 차수의 양의 오른쪽 이동을 나타낸다.

도 27은 알고리즘 SegScore의 논리 흐름도의 도식이다. 도면에서 하기 범례가 적용된다: i, j - 전체 서열에 걸

쳐 실행되는 조절 루프에서 사용되는 카운터이고; HitCount - 이 변수는 하위서열이 블록에서 동일한 하위서열을 얼마나 많이 마주치는지의 트랙을 유지하는 카운터이고; SubSeqX - 이 변수는 중복성에 확인된 하위서열을 보유하고; SubSeqY - 이 변수는 SubSeqX가 확인된 하위서열을 보유하고; BlockLen - 이 변수는 블록의 사용자 지정된 길이를 보유하고; SegLen - 이 변수는 분절의 길이를 보유한다. 프로그램은 3개, 4개, 5개, 6개, 7개, 8개, 9개 및 10개 길이의 하위서열에 대한 스코어를 생성하도록 하드코드된다; Block - 이 변수는 길이 BlockLen의 스트링을 보유한다. 스트링은 인풋 XTEN 서열로부터의 글자로 이루어지고 i 카운터의 위치에 의해 결정되고; SubSeqList - 이는 모든 생성된 하위서열 스코어를 보유하는 목록이다.

도 28은 반복성을 결정하기 위해 11개의 아미노산(서열 번호 1591)의 가상적 XTEN에 대한 알고리즘 SegScore의 적용을 도시한다. N 아미노산으로 이루어진 XTEN 서열은 길이 S의 N-S+1 하위서열로 분할된다(이 경우 S=3). 모든 하위서열의 쌍 비교를 수행하고, 동일한 하위서열의 평균 수를 계산하여 1.89의 하위서열 스코어가 생긴다.

도 29는 작제물 융합 단백질에서의 XTEN의 수에 따라 그룹화된 FVIII에 대한 GMA8021 항체에 대한 노출 후 평가된 CFXTEN에서의 FVIII 활성의 pBC114 FVIII 양성 대조군의 활성에 대한 비율의 개별적인 작제물 값의 그래프이다(실시예 28 참조). 결과는 도입된 XTEN의 수 증가에 따른 FVIII 활성을 보유하는 CFXTEN의 능력에서의 실질적으로 선형인 관계식을 나타낸다.

도 30은 성숙 B 도메인 결실(BDD) 인간 FVIII 작제물의 1차 서열 및 도메인 구조를 도시한다(실시예 46). 도입된 *NheI* 및 *ClaI* 제한 자리의 위치가 도시되어 있다. 아미노산 넘버링이 성숙 FVIII의 1차 서열에서의 아미노산 위치에 상응한다는 것에 유의한다(도 30). 개별 도메인은 회색 글자의 도메인 식별과 함께 회색선/박스로 경계표시된다. 산성 구역(a1, a2, a3)은 점선 박스로 표시된다. 고체 쐐기/삼각형은 FVIII의 FVIIIa로의 활성화에서 트롬빈 개열의 자리를 나타낸다. 채워지지 않은 쐐기/삼각형은 FVIII의 2개 사슬 형태로의 새포내 단백질분해처리의 자리를 나타낸다. 육각형은 N 연결 글라이코실화의 자리를 나타낸다. 원은 Tyr 황산화의 자리를 나타낸다. XTEN 삽입/재조합을 촉진하도록 cDNA로 도입된 독특한 비네이티브 제한 자리(*NheI*, GCTAG; *ClaI*, ATCGAT)는 이중 밑줄로 회색으로 강조된다.

도 31은 네이티브 및 비네이티브 제한 자리의 도메인 구성 및 위치를 나타내는 도 30에 기재된 FVIII 작제물의 그래프 표식을 제공한다.

도 32는 구조 데이터세트 2R7E, 3CDZ 및 PM0076106에 대한 그래프 ASAView 아웃풋을 나타낸다. 도메인 A1, A2, A3, C1 및 C2에서의 아미노산에 대한 접근 가능한 용매 면적(ASA)이 도시되어 있다. Research Collaboratory for Structural Bioinformatics(RCSB; http://www.rcsb.org/pdb)에 의해 유지된 단백질 데이터 뱅크에 위치한 X선 결정학 좌표 3CDZ(Ngo et al., Structure 16: 597-606 (2008)) 및 2R7E(Shen et al., Blood 111:1240-1247 (2008)), 및 Consorzio Interuniversitario per le Applicazioni di Supercalcolo per Università e Riserca(CASPUR) 및 로마대학교(University of Rome)의 생물화학 과학부(Department of Biochemical Sciences)에 의해 유지되는 단백질 모델 데이터베이스(Protein Model Database)(http://mi.caspur.it/PMDB/main.php)에 위치한 분자 동역학 모의 연구(Venkateswarlu, BMC Struct. Biol. 10:7 (2010))로부터 유도된 예측된 개선된 FVIII 구조에 대한 원자 좌표 PM0076106에서 분석을 수행한다.

도 33은 XTEN 삽입 부위의 위치의 구조 표현을 나타낸다. FVIII의 결정 구조(PDB: 2R7E)에 상응하는 중앙 그림은 도메인 A1, A2, A3, C1 및 C2의 상세한 도면에 의해 둘러싸인다. 베타 스트랜드 및 알파 나선은 리본 표현으로 도시되어 있다. 루프는 알파 탄소 파이프로 도시되어 있다. XTEN 삽입 부위에서의 아미노산은 CPK 구형 표현으로 도시되어 있다. 각각의 그래프에서의 숫자는 도 30에서의 넘버링에 따른 XTEN 삽입 부위의 위치를 나타낸다.

도 34는 생성된 재조합 FVIII 단백질이 FVIII 활성을 나타내는 도 33에 도시된 XTEN 삽입 부위의 위치의 구조 표현을 나타낸다.

도 35는 생성된 재조합 FVIII 단백질이 FVIII 활성을 나타내는 도 34에 도시된 XTEN 삽입 부위의 위치의 구조 표현을 나타낸다.

도 36은 생성된 재조합 FVIII 단백질이 FVIII 활성을 나타내는 도 35에 도시된 XTEN 삽입 부위의 위치의 구조 표현을 나타낸다.

도 37은 FVIII 활성(감정 박스, 흰색 글자)을 나타내거나 FVIII 활성(회색 박스, 굵은 글씨)을 나타내지 않는 재조합 FVIII 단백질을 생성시키는 XTEN 삽입의 위치를 나타내는 FVIII의 도메인 A1, A2, A3, C1 및 C2의

ClustalW 다수의 서열 정렬을 나타낸다.

도 38은 단백질 데이터 뱅크에서의 식별자 2R7E 하에 위치한 네이티브 활성 인간 FVIII 결정 구조에서의 2개의 폴리펩타이드 사슬의 2차 구조의 DSSP 그래프 표식을 나타낸다(실시예 47 참조). 아미노산 서열 넘버링은 도 30에서 단백질 서열에서와 동일하다. 베타 시트 구역은 채워진 화살표로 도시되고 β1 내지 내지 β66으로 지칭된다. XTEN 허용성 루프의 위치는 십자방격 박스로 표시된다. 도메인 A1 XTEN 허용성 루프는 루프 A1-1 및 루프 A1-2로 지칭된다. 도메인 A2 XTEN 허용성 루프는 루프 A2-1 및 루프 A2-2로 지칭된다. 도메인 A3 XTEN 허용성 루프는 루프 A3-1 및 루프 A3-2로 지칭된다.

도 39는 단백질 데이터 뱅크에서의 식별자 2R7E 하에 위치한 네이티브 활성 인간 FVIII 결정 구조에서의 2개의 폴리펩타이드 사슬의 2차 구조의 DSSP 그래프 표식을 나타낸다(실시예 47 참조). 아미노산 서열 넘버링은 도 30에서 단백질 서열에서와 동일하다. 베타 시트 구역은 채워진 화살표로 도시되고 β1 내지 내지 β66으로 지칭된다. XTEN 허용성 루프의 위치는 십자방격 박스로 표시된다. 도메인 A1 XTEN 허용성 루프는 루프 A1-1 및 루프 A1-2로 지칭된다. 도메인 A2 XTEN 허용성 루프는 루프 A2-1 및 루프 A2-2로 지칭된다. 도메인 A3 XTEN 허용성 루프는 루프 A3-1 및 루프 A3-2로 지칭된다.

도 40은 FVIII 활성(감정 박스, 흰색 글자)을 나타내거나 FVIII 활성(회색 박스, 굵은 글씨)을 나타내지 않는 재조합 FVIII 단백질을 생성시키는 XTEN 삽입의 위치를 나타내는 FVIII의 도메인 A1, A2, A3, C1 및 C2의 ClustalW 다수의 서열 정렬을 나타낸다. XTEN 허용성 루프의 위치는 점선 직사각형으로 표시된다(실시예 47 참조).

도 41. 도 41a는 도메인 A1, A2, A3, C1 및 C2(점선의 원형)의 위치 및 CPK 구형 표현으로 강조된 XTEN 허용성 루프 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 및 A3-2의 위치를 나타내는 인간 FVIII(PDB:2R7E)의 전면 구조 표현을 나타낸다. 도 41b는 도메인 A1, A2, A3, C1 및 C2(점선의 원형)의 위치 및 CPK 구형 표현으로 강조된 XTEN 허용성 루프 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 및 A3-2의 위치를 나타내는 인간 FVIII(PDB:2R7E)의 측면 구조 표현을 나타낸다.

도 42는 CPK 구형 표현으로 강조된 XTEN 허용성 루프의 위치를 나타내는 단리된 인간 FVIII(PDB:2R7E) A 도메인의 상부 구조 표현을 나타낸다. 도 42b, 42d 및 42f는 CPK 구형 표현으로 강조된 XTEN 허용성 루프의 위치를 나타내는 단리된 인간 FVIII(PDB:2R7E) A 도메인의 측면 구조 표현을 나타낸다.

도 43은 다양한 VIII 인자 B 도메인 결실 및 개별 돌연변이의 서열을 나타낸다. 라인 4-10은 표시된 XTEN이 플랭킹 B 도메인 잔기 또는 A3 도메인 잔기를 연결하는 다양한 B 도메인 결실을 나타낸다. R1648A 돌연변이는 라인 5 및 8에서 화살표로 표시되어 있고, Y1680F 돌연변이는 라인 8-10에서 화살표로 표시되어 있다.

도 44는 단일 XTEN 삽입을 갖는 다양한 CFXTEN의 발색 및 aPTT 검정 활성의 막대 그래프이다(실시예 49).

도 45는 2개의 XTEN 삽입을 갖는 다양한 CFXTEN의 발색 및 aPTT 검정 활성의 막대 그래프이다(실시예 49).

도 46은 3개의 XTEN 삽입을 갖는 다양한 CFXTEN의 발색 및 aPTT 검정 활성의 막대 그래프이다(실시예 49).

도 47은 BDD-FVIII 대조군과 비교하여 단일 XTEN 삽입을 갖는 다양한 투여된 CFXTEN의 DKO 마우스에서의 혈장 수준의 그래프이고, 다양한 위치에서 XTEN 삽입에 의해 성취되는 10배 내지 20배 더 긴 반감기를 나타낸다(실시예 50).

도 48은 BDD-FVIII 대조군과 비교하여 1개, 2개 및 3개의 XTEN 삽입을 갖는 다양한 투여된 CFXTEN의 DKO 마우스에서의 혈장 수준의 그래프이고, 단일 또는 2개의 삽입과 비교하여 추가의 XTEN 삽입의 포함에 의해 성취되는 반감기 증가를 나타낸다(실시예 51).

도 49는 실시예 52에 기재된 3개의 혈우병 환자 혈청(도 49a 내지49c) 또는 양 항-FVII(도 49d)에 의한 베데스다 검정에서 평가된 샘플에서의 남은 VIII 인자 응고촉진 활성에 대해 도시된 억제 곡선의 그래프이고, XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 2개의 CFXTEN 분자에 대한 억제 곡선의 명확한 왼쪽 이동을 나타낸다.

발명을 실시하기 위한 구체적인 내용

[0081] 본 발명의 실시형태를 기재하기 전에, 이러한 실시형태가 오직 예의 방식으로 제공되고, 본 발명을 실행함에 있어서 본 명세서에 기재된 본 발명의 실시형태에 대한 다양한 대안이 이용될 수 있는 것으로 이해된다. 다양한 변형, 변화 및 치환은 본 발명을 벗어남이 없이 당해 분야의 당업자에게 발생할 것이다.

[0082] 달리 기재되지 않은 한, 본 명세서에 사용된 모든 기술 용어 및 과학 용어는 본 발명이 속하는 당해 분야의 당업자가 보통 이해하는 동일한 의미를 갖는다. 본 명세서에 기재된 방법 및 재료와 유사하거나 동등한 방법 및 재료가 본 발명의 실행 또는 시험 시 사용될 수 있더라도, 하기에 적합한 방법 및 재료가 기재되어 있다. 상충하는 경우, 정의를 포함하는 특허 명세서가 지배한다. 또한, 재료, 방법 및 예는 오직 예시이고 제한으로 고려되지 않는다. 다양한 변형, 변화 및 치환은 본 발명을 벗어남이 없이 당해 분야의 당업자에게 발생할 것이다.

[0083] **정의**

[0084] 본원의 맥락에 있어서, 하기 용어는 달리 기재되지 않은 한 이들에 설명된 의미를 갖는다:

[0085] 명세서 및 특허청구범위에 사용되는, 단수 형태 "하나", "일" 및 "이"는 문맥상 달리 명확히 기재하지 않은 한 복수의 언급을 포함한다. 예를 들면, 용어 "세포"는 복수의 세포 및 이들의 혼합물을 포함한다.

[0086] 용어 "폴리펩타이드", "펩타이드" 및 "단백질"은 본 명세서에 상호교환되어 사용되어 임의의 길이의 아미노산의 중합체를 의미한다. 중합체는 선형 또는 분지형일 수 있고, 이는 변형 아미노산을 포함할 수 있고, 이는 비아미노산에 의해 차단될 수 있다. 상기 용어는 또한, 예를 들면 이황화 결합 형성, 글라이코실화, 지질화, 아세틸화, 인산화 또는 임의의 다른 조작, 예컨대 표지 성분에 의한 접합에 의해 변형된 아미노산 중합체를 포함한다.

[0087] 본 명세서에 사용되는 용어 "아미노산"은 D 또는 L 광학 이성질체 둘 다 및 아미노산 유사체 및 펩티도미메틱(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 천연 및/또는 비천연 또는 합성 아미노산을 의미한다. 표준 단일 또는 3글자 코드는 아미노산을 지칭하도록 사용된다.

[0088] VIII 인자 폴리펩타이드를 참조하여 사용되는 용어 "도메인"은 전장 도메인 또는 이의 기능적 단편, 예를 들면 VIII 인자의 A1 도메인, A2 도메인, A3 도메인, B 도메인, C1 도메인 및/또는 C2 도메인의 전장 또는 기능적 단편을 의미한다.

[0089] 용어 "천연 L-아미노산"은 글라이신(G), 프롤린(P), 알라닌(A), 발린(V), 류신(L), 아이소류신(I), 메티오닌(M), 시스테인(C), 페닐알라닌(F), 티로신(Y), 트리토판(W), 히스티딘(H), 라이신(K), 아르기닌(R), 글루타민(Q), 아스파라긴(N), 글루탐산(E), 아스파르트산(D), 세린(S) 및 트레오닌(T)의 L 광학 이성질체를 의미한다.

[0090] 서열에 적용되고 본 명세서에 사용되는 용어 "비천연"은 대응물을 갖지 않는 폴리펩타이드 또는 폴리뉴클레오타이드 서열이 포유동물에서 발견되는 야생형 또는 천연 발생 서열에 상보성이 아니거나, 이 서열과 높은 정도의 상동성을 갖지 않는다는 것을 의미한다. 예를 들면, 비천연 폴리펩타이드 또는 단편은 적절히 정렬된 천연 서열과 비교하여 99%, 98%, 95%, 90%, 80%, 70%, 60%, 50% 이하 또는 심지어 더 적은 아미노산 서열 동일성을 공유할 수 있다.

[0091] 용어 "친수성" 및 "소수성"은 물질이 물과 갖는 친화도의 정도를 의미한다. 친수성 물질은 물 중에 용해되거나, 물과 혼합되거나, 물에 의해 습윤되는 경향을 갖는 물에 대한 강한 친화도를 갖고, 소수성 물질은 물을 반발하고 흡수하지 않으며 물 중에 용해되거나, 물과 혼합되거나, 물에 의해 습윤되지 않는 경향을 갖는 물에 대한 친화도가 실질적으로 결여된다. 아미노산은 이의 소수화도에 기초하여 규명될 수 있다. 다수의 스케일이 개발되었다. 예는 레비트, 엠(Levitt, M) 등에 의해 개발된 스케일이다[J Mol Biol (1976) 104:59, 이는 (Hopp, TP, et al., Proc Natl Acad Sci U S A (1981) 78:3824)에 기재되어 있다]. "친수성 아미노산"의 예는 아르기닌, 라이신, 트레오닌, 알라닌, 아스파라긴 및 글루타민이다. 친수성 아미노산 아스파르테이트, 글루타메이트 및 세린 및 글라이신이 특히 중요하다. "소수성 아미노산"의 예는 트리토판, 티로신, 페닐알라닌, 메티오닌, 류신, 아이소류신 및 발린이다.

[0092] "단편"은, 단백질에 적용될 때, 치료학적 및/또는 생물학적 활성의 적어도 일부를 보유하는 생물학적으로 활성인 네이티브 단백질의 절두된 형태이다. "변이체"는, 단백질에 적용될 때, 생물학적으로 활성인 단백질의 치료학적 및/또는 생물학적 활성의 적어도 일부를 보유하는 생물학적으로 활성인 네이티브 단백질에 상동성인 서열을 갖는 단백질이다. 예를 들면, 변이체 단백질은 생물학적으로 활성인 기준 단백질과 비교하여 적어도 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99%의 아미노산 서열 동일성을 공유할 수 있다. 본 명세서에 사용되는 용어 "생물학적 활성 단백질 모이어티"는, 예를 들면 자리 지정 돌연변이유발, 코딩 유전자의 합성, 삽입에 의해 또는 사고로 돌연변이를 통해 고의로 변형된 단백질을 포함한다.

[0093] 용어 "서열 변이체"는 하나 이상의 아미노산 삽입, 결실 또는 치환에 의해 이의 네이티브 또는 원래의 서열과 비교하여 변형된 폴리펩타이드를 의미한다. 삽입은 단백질의 말단 중 어느 하나 또는 둘 다에 위치하고/하거나

아미노산 서열의 내부 구역 내에 위치할 수 있다. 비제한적인 예는 생물학적으로 활성인 페이로드(payload) 단백질의 서열 내의 XTEN 서열의 삽입이다. 결실 변이체에서, 본 명세서에 기재된 폴리펩타이드에서의 하나 이상의 아미노산 잔기가 제거된다. 따라서, 결실 변이체는 페이로드 폴리펩타이드 서열의 모든 단편을 포함한다. 치환 변이체에서, 폴리펩타이드의 하나 이상의 아미노산 잔기는 제거되고 대안적인 잔기로 대체된다. 일 양태에서, 치환은 성질상 보존적이고, 이 유형의 보존적 치환은 당해 분야에 널리 공지되어 있다.

[0094] 본 명세서에 사용되는 "내부 XTEN"은 응고 인자의 서열에 삽입된 XTEN 서열을 의미한다. 내부 XTEN은, 응고 인자의 도메인 내의("도메인내") 또는 2개의 도메인 사이("도메인간")의 2개의 인접한 아미노산 사이의 삽입에 의해, FVIII과 같은 응고 인자의 서열로의 XTEN 서열의 삽입에 의해 작제될 수 있거나, XTEN은 응고 인자의 부분 내부 서열을 대체한다.

[0095] 본 명세서에 사용되는 "말단 XTEN"은 응고 인자의 N 또는 C 말단에 또는 내에 또는 응고 인자의 N 또는 C 말단에서 링커 또는 단백질분해 개열 서열에 융합된 XTEN 서열을 의미한다. 말단 XTEN은 응고 인자의 네이티브 말단에 융합될 수 있다. 대안적으로, 말단 XTEN은 응고 인자의 말단 서열의 일부를 대체할 수 있다.

[0096] 용어 "XTEN 방출 자리"는 CFXTEN 융합 단백질로부터 XTEN 또는 XTEN의 일부의 방출시키도록 포유동물 프로테아제에 의해 인식되고 개열될 수 있는 CFXTEN 융합 단백질에서의 개열 서열을 의미한다. 본 명세서에 사용되는 "포유동물 프로테아제"는 포유동물의 체액, 세포 또는 조직에 보통 존재하는 프로테아제를 의미한다. XTEN 방출 자리는 다양한 포유동물 프로테아제("XTEN 방출 프로테아제"로 공지), 예컨대 FXIa, FXIIa, 칼리크레인, FVIIIa, FVIIIa, FXa, FIIa(트롬빈), 엘라스타제-2, MMP-12, MMP13, MMP-17, MMP-20 또는 응고 사건 동안 존재하는 임의의 프로테아제에 의해 개열되도록 조작될 수 있다. 정의된 개열 자리를 인식할 수 있는 (내인성 또는 외인성) 다른 동등한 프로테아제를 사용할 수 있다. 개열 자리는 사용되는 프로테아제에 조정되고 맞춰질 수 있다.

[0097] 용어 "내의"는, 제2 폴리펩타이드에 연결된 제1 폴리펩타이드를 언급할 때, 제1 또는 제2 폴리펩타이드의 N 말단을 각각 제2 또는 제1 폴리펩타이드의 C 말단에 연결하는 연결, 및 제2 폴리펩타이드의 서열로의 제1 폴리펩타이드의 삽입을 포함한다. 예를 들면, XTEN이 VIII 인자 폴리펩타이드의 도메인 "내에" 연결된 때, XTEN은 N 말단, C 말단에 연결될 수 있거나, 상기 도메인에서 삽입될 수 있다.

[0098] 본 명세서에 사용되는 용어 "자리"는, 생물학적 폴리펩타이드, 예컨대 VIII 인자에 대한 또는 이 내의 XTEN의 삽입 부위를 의미하도록 사용될 때, XTEN이 연결된 아미노산 위치를 나타낸다. 예컨대, VIII 인자에 대한 또는 이 내의 XTEN의 삽입에 대한 제1, 제2, 제3, 제4, 제5 또는 제6 자리에 대해 숫자 표시 자리가 기재된 때, 각각의 자리는 VIII 인자에서의 명확한 자리를 나타내는 것으로 이해되고; 예를 들면, 제2 자리는 제1 자리로부터 상이한 VIII 인자 위치이고, 제3 자리는 제2 및 제1 자리로부터 상이하고, 기타 등등이다.

[0099] "활성" 또는 "응고촉진 활성"은, 본 명세서에 제공된 CFXTEN 폴리펩타이드의 형태(들)에 적용될 때, *실험실내*, *생체외* 또는 *생체내* 검정에 의해 측정되든, 표적 응고 단백질 기질 또는 보조인자에 결합하고 응고 사건을 촉진하는 능력을 의미한다. 이러한 검정은 1단계 응고 검정, 2단계 응고 검정, 발색 검정 및 ELISA 검정을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. "생물학적 활성"은 수용체 또는 리간드 결합(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 *실험실내* 또는 *생체내* 생물학적 작용 또는 효과, 또는 FVIII 응고 인자에 당해 분야에 일반적으로 공지된 응고에 대한 효과, 또는 출혈 에피소드의 정지를 포함하는 세포 반응, 생리학적 반응 또는 임상 반응을 의미한다.

[0100] 본 명세서에 사용되는 용어 "ELISA"는 본 명세서에 기재된 또는 그렇지 않으면 당해 분야에 공지된 효소 연결 면역흡착 검정을 의미한다.

[0101] "숙주 세포"는 당해 벡터에 대한 수혜자였거나 수혜자일 수 있거나 개별 세포 또는 세포 배양물을 포함한다. 숙주 세포는 단일 숙주 세포의 자손을 포함한다. 자손은 천연, 사고 또는 의도적 돌연변이로 인해 원래의 부모 세포와 (전체 DNA 보체의 게놈 또는 형태에서) 완전히 동일할 필요는 없다. 숙주 세포는 생체내 본 발명의 벡터로 형질감염된 세포를 포함한다.

[0102] "단리된"은, 본 명세서에 개시된 다양한 폴리펩타이드를 기술하기 위해 사용될 때, 이의 천연 환경의 성분으로부터 동정되고 분리되고/되거나 회수된 폴리펩타이드를 의미한다. 이의 천연 환경의 오염물질 성분은 폴리펩타이드에 대한 진단학적 또는 치료학적 용도를 통상적으로 방해하는 재료이고, 효소, 호르몬 및 다른 단백질성 또는 비단백질성 용질을 포함할 수 있다. 당해 분야의 당업자에게 명확한 것처럼, 비천연 폴리뉴클레오타이드, 펩타이드, 폴리펩타이드, 단백질, 항체 또는 이의 단편은 이의 천연 대응물로부터 이를 구별하기 위해 "단리"될 필요는 없다. 또한, "농축시킨다", "분리한다" 또는 "희석된" 폴리뉴클레오타이드, 펩타이드, 폴리펩타이드, 단

백질, 항체 또는 이의 단편은 용적당 분자 수 또는 농도가 이의 천연 대응물보다 일반적으로 크다는 점에서 이의 천연 대응물과 구별될 수 있다. 일반적으로, 재조합 수단에 의해 제조되고 숙주 세포에서 발현된 폴리펩타이드는 "단리된" 것으로 생각된다.

[0103] "단리된" 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드 코딩 핵산 또는 다른 폴리펩타이드 코딩 핵산은 폴리펩타이드 코딩 핵산의 천연 공급원에서 보통 관련되는 적어도 하나의 오염물질 핵산 분자로부터 동정되고 분리되는 핵산 분자이다. 단리된 폴리펩타이드 코딩 핵산 분자는 자연에서 발견되는 형태 또는 세팅 이외의 분자이다. 따라서, 단리된 폴리펩타이드 코딩 핵산 분자는 특이적 폴리펩타이드 코딩 핵산 분자가 천연 세포에서 존재하므로 이와 구별된다. 그러나, 단리된 폴리펩타이드 코딩 핵산 분자는 폴리펩타이드를 보통 발현하는 세포에 포함된 폴리펩타이드 코딩 핵산 분자를 포함하고, 예를 들면 핵산 분자는 천연 세포와 다른 염색체 또는 염색체외 위치에 있다.

[0104] "키메라" 단백질은 자연에 존재하는 서열의 위치와 다른 위치에서 적어도 하나의 구역을 포함하는 적어도 하나의 융합 폴리펩타이드를 포함한다. 이 구역은 보통 별개의 단백질에 존재할 수 있고, 융합 폴리펩타이드에 함께 있거나; 이 구역은 보통 동일한 단백질에 존재할 수 있지만, 융합 폴리펩타이드에서 새로운 배열로 위치한다. 예를 들면, 화학 합성에 의해 또는 펩타이드 구역이 원하는 관계로 코딩된 폴리뉴클레오타이드를 생성하고 번역함으로써 키메라 단백질을 생성할 수 있다.

[0105] "접합된", "연결된", "융합된" 및 "융합"은 본 명세서에서 상호 교환되어 사용된다. 이 용어는 화학 접합 또는 재조합 수단을 포함하는 어떤 수단에 의해서든 2 이상의 화학 원소, 서열 또는 성분을 함께 결합시키는 것을 의미한다. 예를 들면, 프로모터 또는 인핸서는 서열의 전사에 영향을 미치는 경우 코딩 서열에 작동적으로 연결된다. 일반적으로, "작동적으로 연결된"은 연결되는 DNA 서열이 인접하고 판독 상 내(in reading phase) 또는 프레임 내(in-frame)라는 것을 의미한다. "프레임내 융합"은 원래의 개방형 판독 프레임(open reading frame)의 정확한 판독 프레임을 유지시키는 방식으로 더 긴 연속 ORF를 형성하는 2개 이상의 ORF의 결합을 의미한다. 따라서, 생성된 재조합 융합 단백질은 원래의 ORF에 의해 코딩된 폴리펩타이드에 상응하는 2개 이상의 분절을 포함하는 단일 단백질이다(분절은 자연에서 보통 이렇게 결합되지 않음).

[0106] 폴리펩타이드의 맥락에서, "선형 서열" 또는 "서열"은 서열에서 서로 이웃하는 잔기가 폴리펩타이드의 1차 구조에서 인접하는 아미노에서 카복실 말단 방향으로의 폴리펩타이드에서의 아미노산의 순서이다. "부분 서열"은 일방향 또는 방향 둘 다에서 추가의 잔기를 포함하는 것으로 알려진 폴리펩타이드의 부분의 선형 서열이다.

[0107] "비상동"은 비교되는 집합체의 나머지로부터 유전자형으로 명확한 집합체로부터 유도된 것을 의미한다. 예를 들면, 네이티브 코딩 서열로부터 제거되고 네이티브 서열 이외의 코딩 서열에 작동적으로 연결된 글라이신 농후 서열은 비상동 글라이신 농후 서열이다. 용어 "비상동"은, 폴리뉴클레오타이드, 폴리펩타이드에 적용될 때, 폴리뉴클레오타이드 또는 폴리펩타이드가 비교되는 집합체의 나머지로부터 유전자형으로 명확한 집합체로부터 유도된다는 것을 의미한다.

[0108] 용어 "폴리뉴클레오타이드", "핵산", "뉴클레오타이드" 및 "올리고뉴클레오타이드"는 상호 교환되어 사용된다. 이들은 데옥시리보뉴클레오타이드 또는 리보뉴클레오타이드 또는 이들의 유사체인 임의의 길이의 뉴클레오타이드의 중합체 형태를 의미한다. 폴리뉴클레오타이드는 임의의 3차원 구조를 가질 수 있고, 공지된 또는 비공지된 임의의 작용을 수행할 수 있다. 하기는 폴리뉴클레오타이드의 비제한적인 예이다: 유전자 또는 유전자 단편의 코딩 또는 비코딩 구역, 결합 분석으로부터 정의된 유전자좌(유전좌), 엑손, 인트론, 메신저 RNA(mRNA), 운반 RNA, 리보솜 RNA, 리보짐, cDNA, 재조합 폴리뉴클레오타이드, 분지형 폴리뉴클레오타이드, 플라즈미드, 벡터, 임의의 서열의 단리된 DNA, 임의의 서열의 단리된 RNA, 핵산 프로브 및 프라이머. 폴리뉴클레오타이드는 변형 뉴클레오타이드, 예컨대 메틸화 뉴클레오타이드 및 뉴클레오타이드 유사체를 포함할 수 있다. 존재하는 경우, 뉴클레오타이드 구조에 대한 변형은 중합체의 어셈블리 전에 또는 후에 부여될 수 있다. 뉴클레오타이드의 서열은 비뉴클레오타이드 성분에 의해 차단될 수 있다. 폴리뉴클레오타이드는, 예컨대 라벨링 성분에 의한 접합에 의해 중합 후 추가로 변형될 수 있다.

[0109] 용어 "폴리뉴클레오타이드의 보체"는 기준 서열과 비교하여 상보성 염기 서열 및 역배열을 갖는 폴리뉴클레오타이드 분자를 의미하고, 이는 완전한 신뢰도를 갖는 기준 서열과 하이브리드화할 수 있다.

[0110] "재조합"은, 폴리뉴클레오타이드에 적용될 때, 폴리뉴클레오타이드가 실험실내 클로닝, 제한 및/또는 결찰 단계 및 가능하게는 숙주 세포에서 재조합 단백질로서 발현될 수 있는 작제물을 생성시키는 다른 절차의 다양한 조합의 생성물이라는 것을 의미한다.

[0111] 용어 "유전자" 및 "유전자 단편"은 본 명세서에서 상호 교환되어 사용된다. 이들은 전사되고 번역된 후 특정한 단백질을 코딩할 수 있는 적어도 하나의 개방형 판독 프레임을 포함하는 폴리뉴클레오타이드를 의미한다. 폴리뉴클레오타이드가 전체 코딩 구역 또는 이의 분절을 커버할 수 있는 적어도 하나의 개방형 판독 프레임을 포함하는 한, 유전자 또는 유전자 단편은 게놈 또는 cDNA일 수 있다. "융합 유전자"는 함께 연결되는 적어도 2개의 비상동 폴리뉴클레오타이드로 이루어진 유전자이다.

[0112] "상동성" 또는 "동종성" 또는 "서열 동일성"은 2개 이상의 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 2개 이상의 폴리펩타이드 서열 사이의 서열 유사성 또는 교환성을 의미한다. 2개의 상이한 아미노산 서열 사이의 서열 동일성, 유사성 또는 상동성을 결정하는 베스트핏(BestFit)과 같은 프로그램을 사용할 때, 디폴트 세팅을 사용할 수 있거나, 동일성, 유사성 또는 상동성 스코어를 최적화하기 위해 blosum45 또는 blosum80과 같은 적절한 스코어링 매트릭스를 선택할 수 있다. 바람직하게는, 동종성인 폴리뉴클레오타이드는 본 명세서에 정의된 엄격한 조건 하에 하이브리드화하고 이 서열과 비교하여 적어도 70%, 바람직하게는 적어도 80%, 더 바람직하게는 적어도 90%, 더 바람직하게는 95%, 더 바람직하게는 97%, 더 바람직하게는 98% 및 심지어 더 바람직하게는 99%의 서열 동일성을 갖는 것이다. 동종성인 폴리펩타이드는 바람직하게는 적어도 70%, 바람직하게는 적어도 80%, 심지어 더 바람직하게는 적어도 90%, 심지어 더 바람직하게는 적어도 95-99%, 가장 바람직하게는 100%의 동일한 서열 동일성을 갖는다.

[0113] "결찰"은 2개의 핵산 단편 또는 유전자를 함께 연결하는 이들 사이에 포스포다이에스터 결합을 형성하는 과정을 의미한다. DNA 단편 또는 유전자를 함께 결찰하기 위해, DNA의 말단은 서로 상용성이어야 한다. 몇몇 경우에, 이 말단은 엔도뉴클레아제 분해 후 바로 상용성이다. 그러나, 처음에 엔도뉴클레아제 분해 후 보통 제조된 지그재그 말단을 둔단 말단으로 전환하여 이들이 결찰에 상용성이게 만드는 것이 필요할 수 있다.

[0114] 용어 "엄격한 조건" 또는 "엄격한 하이브리드화 조건"은 폴리뉴클레오타이드가 다른 서열보다 검출 가능한 더 높은 정도(예를 들면, 배경보다 적어도 2배)로 이의 표적 서열에 하이브리드화하는 조건에 대한 기준을 포함한다. 일반적으로, 하이브리드화의 엄격성은, 부분적으로, 세척 단계가 수행되는 온도 및 염 농도를 참조하여 표시된다. 통상적으로, 엄격한 조건은 염 농도가 pH 7.0 내지 8.3에서 약 1.5M 미만의 Na 이온, 통상적으로 약 0.01 내지 1.0M의 Na 이온 농도(또는 다른 염)이고, 온도가 짧은 폴리뉴클레오타이드(예를 들면, 10개 내지 50개의 뉴클레오타이드)의 경우 적어도 약 30℃이고, 긴 폴리뉴클레오타이드(예를 들면, 50개 초과의 뉴클레오타이드)의 경우 적어도 약 60℃인 것이고, 예를 들면 "엄격한 조건"은 37℃에서의 50%의 포름아마이드, 1M NaCl, 1% SDS 중의 하이브리드화 및 각각 60℃ 내지 65℃에서의 0.1xSSC/1% SDS 중의 15분 동안의 3회 세척을 포함할 수 있다. 대안적으로, 약 65℃, 60℃, 55℃ 또는 42℃의 온도를 사용할 수 있다. SSC 농도는 약 0.1 내지 2xSSC로 변할 수 있고, SDS는 약 0.1%로 존재한다. 이러한 세척 온도는 통상적으로 한정된 이온 농도 및 pH에서의 특이적 서열에 대한 열 융점보다 약 5℃ 내지 20℃ 낮도록 선택된다. Tm은 표적 서열의 50%가 완전히 일치된 프로브에 하이브리드화하는 (한정된 이온 농도 및 pH 하의) 온도이다. 핵산 하이브리드화에 대한 조건 및 Tm을 계산하기 위한 식은 널리 공지되어 있고, 문헌[Sambrook, J. *et al.*, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual," 3rd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001]에서 확인할 수 있다. 통상적으로, 비특이적 하이브리드화를 차단하기 위해 차단 시약을 사용한다. 이러한 차단 시약은 예를 들어 약 100-200㎍/㎖에서의 절단되고 변성된 연어 정자 DNA를 포함한다. 예컨대, RNA:DNA 하이브리드화를 위해 특정한 상황 하에 약 35-50%(v/v)의 농도에서의 포름아마이드와 같은 유기 용매를 또한 사용할 수 있다. 이 세척 조건에서의 유용한 변이는 당해 분야의 당업자에게 용이하게 명확하다.

[0115] 용어 "동일성 백분율", "서열 동일성의 백분율" 및 "동일성(%)"은, 폴리뉴클레오타이드 서열에 적용될 때, 정규화 알고리즘을 이용하여 정렬된 적어도 2개의 폴리뉴클레오타이드 서열 사이의 잔기 일치의 백분율을 의미한다. 이러한 알고리즘은, 정규화된 재현 가능한 방식으로, 2개의 서열 사이의 정렬을 최적화하고 따라서 2개의 서열의 더 의미 있는 비교를 성취하기 위해 비교되는 서열에서 갭을 삽입할 수 있다. 동일성(%)을 전체 한정된 폴리뉴클레오타이드 서열의 길이에 걸쳐 측정할 수 있거나, 더 짧은 길이, 예를 들면 더 큰 한정된 폴리뉴클레오타이드 서열로부터 취한 단편의 길이, 예를 들어 적어도 45개, 적어도 60개, 적어도 90개, 적어도 120개, 적어도 150개, 적어도 210개 또는 적어도 450개의 인접 잔기의 단편에 걸쳐 측정할 수 있다. 이러한 길이는 오직 예시적이고, 백분율 동일성이 측정될 수 있는 길이를 기술하기 위해 본 명세서에서 표, 도면 또는 서열 목록에 기재된 서열에 의해 지지되는 임의의 단편 길이를 사용할 수 있는 것으로 이해된다. 비교 윈도우에 걸쳐 2개의 최적으로 정렬된 서열을 비교함으로써 서열 동일성의 백분율을 계산하여, (동일한 잔기가 폴리펩타이드 서열 둘 다에 존재하는) 일치된 위치의 수를 결정하고, 일치된 위치의 수를 비교 윈도우(즉, 윈도우 크기)에서의 전체 위치의 수로 나누고 그 결과에 100을 곱하여 서열 동일성의 백분율을 얻는다. 상이한 길이의 서열이 비교될 때,

가장 짧은 서열은 비교 윈도우의 길이를 한정한다. 보존적 치환은 서열 동일성을 계산할 때 고려되지 않는다.

[0116] 본 명세서에서 확인된 폴리펩타이드 서열과 관련하여 "서열 동일성 백분율(%)"은 서열 동일성의 일부로서 임의의 보존적 치환을 고려하지 않고 최대 서열 동일성(%)을 성취하기 위해, 필요한 경우, 서열을 정렬하고 갭을 도입한 후, 제2 기준 폴리펩타이드 서열 또는 이의 일부의 아미노산 잔기와 동일한 질의 서열에서의 아미노산 잔기의 백분율로서 정의된다. 아미노산 서열 동일성(%)을 결정하는 목적을 위한 정렬은 예를 들어 공중에게 이용가능한 컴퓨터 소프트웨어, 예컨대 BLAST, BLAST-2, ALIGN 또는 메갈린(Megalign)(DNASTAR) 소프트웨어를 사용하여 당해 분야의 기술 내의 다양한 방식으로 성취될 수 있다. 당해 분야의 당업자는 비교되는 서열의 전장에 걸쳐 최대 정렬을 성취하는 데 필요한 임의의 알고리즘을 포함하는 정렬을 측정하기 위한 적절한 매개변수를 결정할 수 있다. 동일성(%)을 전체 한정된 폴리펩타이드 서열의 길이에 걸쳐 측정할 수 있거나, 더 짧은 길이, 예를 들면 더 큰 한정된 폴리펩타이드 서열로부터 취한 단편의 길이, 예를 들어, 적어도 15개, 적어도 20개, 적어도 30개, 적어도 40개, 적어도 50개, 적어도 70개 또는 적어도 150개의 인접 잔기의 단편에 걸쳐 측정할 수 있다. 이러한 길이는 오직 예시적이고, 백분율 동일성이 측정될 수 있는 길이를 기술하기 위해 본 명세서에서 표, 도면 또는 서열 목록에 기재된 서열에 의해 지지되는 임의의 단편 길이를 사용할 수 있는 것으로 이해된다.

[0117] 폴리펩타이드의 맥락에서 본 명세서에 사용되는 용어 "비반복성"은 펩타이드 또는 폴리펩타이드 서열에서의 제한된 정도의 내부 상동성 또는 이의 결여를 의미한다. 용어 "실질적으로 비반복"은, 예를 들면 동일한 아미노산 유형인 서열에서 4개의 인접 아미노산의 경우가 없거나 적다는 것 또는 폴리펩타이드가 (하기 정의된) 10 이하의 하위서열 스코어를 갖는다는 것 또는 폴리펩타이드 서열을 구성하는 서열 모티프의 N로부터 C 말단으로의 순서에서 패턴이 없다는 것을 의미할 수 있다. 폴리펩타이드의 맥락에서 본 명세서에 사용되는 용어 "반복성"은 펩타이드 또는 폴리펩타이드 서열에서 내부 상동성의 정도를 의미한다. 반대로, "반복" 서열은 짧은 아미노산 서열의 다수의 동일한 카피를 포함할 수 있다. 예를 들어, 관심 있는 폴리펩타이드 서열은 n합체 서열로 분할될 수 있고, 동일한 서열의 수를 계산할 수 있다. 고 반복 서열은 동일한 서열의 많은 분획을 포함하고, 비반복 서열은 적은 동일한 서열을 포함한다. 폴리펩타이드의 맥락에서, 서열은 한정된 또는 다양한 길이 또는 모티프의 더 짧은 서열의 다수의 카피를 포함할 수 있고, 모티프 그 자체는 비반복 서열을 가져서, 전장 폴리펩타이드가 실질적으로 비반복이 되게 한다. 비반복성이 측정되는 폴리펩타이드의 길이는 3개의 아미노산 내지 약 200개의 아미노산, 약 6개 내지 약 50개의 아미노산 또는 약 9개 내지 약 14개의 아미노산으로 변할 수 있다. 폴리뉴클레오타이드 서열의 맥락에서 사용된 "반복성"은 서열에서의 내부 상동성의 정도, 예를 들면 소정의 길이의 동일한 뉴클레오타이드 서열의 빈도 등을 의미한다. 동일한 서열의 빈도를 분석함으로써, 예를 들면 반복성을 측정할 수 있다.

[0118] "벡터"는 바람직하게는 삽입된 핵산 분자를 숙주 세포로 및/또는 숙주 세포 사이에 전달하는 적절한 숙주에서 자가 복제하는 핵산 분자이다. 이 용어는 DNA 또는 RNA의 세포로의 삽입을 주로 담당하는 벡터, DNA 또는 RNA의 복제를 주로 담당하는 벡터의 복제 및 DNA 또는 RNA의 전사 및/또는 번역을 담당하는 발현 벡터를 포함한다. 상기 작용 중 1 초과를 제공하는 벡터가 또한 포함된다. "발현 벡터"는, 적절한 숙주 세포로 도입될 때, 폴리펩타이드(들)로 전사되고 번역될 수 있는 폴리뉴클레오타이드이다. "발현 시스템"은 원하는 발현 생성물을 생성하도록 작용할 수 있는 발현 벡터로 이루어진 적합한 숙주 세포를 보통 내포한다.

[0119] "혈청 분해 내성"은, 폴리펩타이드에 적용될 때, 통상적으로 혈청 또는 혈장 중의 프로테아제를 포함하는, 혈액 또는 이의 성분에서의 분해를 견디는 폴리펩타이드의 능력을 의미한다. 통상적으로 약 37℃에서 통상적으로 일(예를 들면, 0.25일, 0.5일, 1일, 2일, 4일, 8일, 16일) 범위 동안 단백질을 인간(또는 적절한 경우 마우스, 래트, 원숭이) 혈청 또는 혈장과 합함으로써 혈청 분해 내성을 측정할 수 있다. 이 시점의 샘플을 웨스턴 블롯 검정에서 실행할 수 있고, 항체를 갖는 단백질이 검출된다. 항체는 단백질에서 태그일 수 있다. 단백질의 크기가 주사된 단백질과 동일한 웨스턴에서 단백질이 단일 밴드를 나타내는 경우, 분해가 발생하지 않는다. 이 예시적인 방법에서, 웨스턴 블롯 또는 동등한 기법에 의해 판단되는 단백질의 50%가 분해되는 시점은 단백질의 혈청 분해 반감기 또는 "혈청 반감기"이다.

[0120] 본 명세서에 사용되는 용어 "$t_{1/2}$"는 $\ln(2)/K_{el}$로서 계산된 종료 반감기를 의미한다. K_{el}은 시간에 대한 로그 농도 곡선의 말단 선형 부분의 선형 회귀에 의해 계산된 말단 제거 속도 상수이다. 반감기는 통상적으로 살아있는 유기체에서 침착된 투여된 물질의 분량의 반이 정상 생물학적 과정에 의해 대사되거나 제거되는 데 필요한 시간을 의미한다. 용어 "$t_{1/2}$", "종료 반감기", "제거 반감기" 및 "순환 반감기"는 본 명세서에서 상호 교환되어 사용된다.

[0121] "능동 청소"는 여과 또는 응고 이외의 순환으로부터 단백질이 제거되고, 세포, 수용체, 단백질의 대사 또는 분

해에 의한 중재되는 순환으로부터의 제거를 포함하는 기전을 의미한다.

[0122] "겉보기 분자량 인자" 및 "겉보기 분자량"은 특정한 아미노산 서열에 의해 나타난 겉보기 분자량의 상대 증가 또는 감소의 측정치를 의미하는 관련 용어이다. 겉보기 분자량은 구형 단백질 표준품과 비교함으로써 크기 배제 크로마토그래피(SEC) 또는 유사한 방법을 이용하여 결정되고, "겉보기 kD" 단위에서 측정된다. 겉보기 분자량 인자는 겉보기 분자량과 실제 분자량 사이의 비율이고; 실제 분자량은, 아미노산 조성물에 기초하여, 조성물 중의 각각의 유형의 아미노산의 계산된 분자량을 첨가함으로써 또는 SDS 전기영동 겔에서 분자량 표준품과의 비교로부터의 예측에 의해 예측된다.

[0123] 용어 "유체 역학 반경" 또는 "스톡스 반경"은, 분자가 용액을 통해 흐르는 바디이고 용액의 점도에 대해 내성이라는 것을 가정함으로써, 측정된 용액 중의 분자의 유효 반경(㎚ 단위의 R_h)이다. 본 발명의 실시형태에서, XTEN 융합 단백질의 유체 역학 반경 측정은 더 직관적인 측정치인 '겉보기 분자량 인자'와 상관된다. 단백질의 "유체 역학 반경"은 수용액 중의 이의 확산 속도 및 마크로분자의 겔에서 이동하는 이의 능력에 영향을 미친다. 단백질의 유체 역학 반경은 형상 및 조밀도를 포함하는 이의 분자량 및 이의 구조에 의해 결정된다. 유체 역학 반경을 결정하는 방법은, 예컨대 미국 특허 제6,406,632호 및 제7,294,513호에 기재된 바대로 크기 배제 크로마토그래피(SEC)의 사용에 의해 당해 분야에 널리 공지되어 있다. 대부분의 단백질은 가장 작은 유체 역학 반경을 가질 수 있는 가장 조밀한 3차원 구조 단백질인 구형 구조를 갖는다. 몇몇 단백질은 무작위 및 개방, 비구조화 또는 '선형' 입체구성을 채택하고, 그 결과 유사한 분자량의 통상적인 구형 단백질과 비교하여 훨씬 더 큰 유체 역학 반경을 갖는다.

[0124] "생리학적 조건"은 살아있는 피험체의 조건을 모방하는 온도, 염 농도, pH를 포함하는 살아있는 숙주에서의 일련의 조건 및 *실험실내* 조건을 의미한다. *실험실내* 검정에서 사용하기 위한 생리학적 관련 조건의 숙주가 확립되었다. 일반적으로, 생리학적 완충제는 염의 생리학적 농도를 포함하고, 약 6.5 내지 약 7.8, 바람직하게는 약 7.0 내지 약 7.5 범위의 중성 pH로 조정된다. 다양한 생리학적 완충제는 샘브룩(Sambrook) 등의 문헌(2001)에 수록되어 있다. 생리학적 관련 온도는 약 25℃ 내지 약 38℃, 바람직하게는 약 35℃ 내지 약 37℃ 범위이다.

[0125] "반응기"는 제2 반응기에 커플링될 수 있는 화학 구조이다. 반응기의 예는 아미노기, 카복실기, 설프하이드릴기, 하이드록실기, 알데하이드기, 아지드기이다. 몇몇 반응기는 제2 반응기와의 커플링을 촉진하도록 활성화될 수 있다. 활성화의 비제한적인 예는 카복실기의 카보다이이미드와의 반응, 카복실기의 활성화 에스터로의 전환 또는 카복실기의 아지드 작용기로의 전환이다.

[0126] "제어 방출제", "서방 방출제", "데포 제제" 및 "지속 방출제"는 폴리펩타이드가 물질 부재 하에 투여될 때의 방출 기간에 비해 본 발명의 폴리펩타이드의 방출 기간을 연장할 수 있는 물질을 의미하도록 상호 교환되어 사용된다. 본 발명의 상이한 실시형태는 상이한 방출 속도를 가져, 상이한 치료학적 양을 생성할 수 있다.

[0127] 용어 "항원", "표적 항원" 및 "면역원"은 항체 단편 또는 항체 단편 기반 치료제가 결합하거나 특이성을 갖는 구조 또는 결합 결정부위를 의미하도록 본 명세서에서 상호 교환되어 사용된다.

[0128] 본 명세서에 사용되는 용어 "페이로드"는 작은 분자의 약리단에 대한 대응물인 생물학적 또는 치료학적 활성을 갖는 단백질 또는 펩타이드 서열을 의미한다. 페이로드의 예는 응고 인자, 사이토카인, 효소, 호르몬 및 혈액 및 성장 인자를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다.

[0129] 본 명세서에 사용되는 용어 "길항제"는 본 명세서에 개시된 네이티브 폴리펩타이드의 생물학적 활성을 부분적으로 또는 완전히 차단하거나, 억제하거나, 중화시키는 임의의 분자를 포함한다. 폴리펩타이드의 길항제를 확인하는 방법은 네이티브 폴리펩타이드를 후보 길항제 분자와 접촉시키는 단계 및 네이티브 폴리펩타이드와 보통 관련되는 하나 이상의 생물학적 활성의 검출 가능한 변화를 측정하는 단계를 포함할 수 있다. 본 발명의 맥락에서, 길항제는 단백질, 핵산, 탄수화물, 항체 또는 생물학적 활성 단백질의 효과를 감소시키는 임의의 다른 분자를 포함할 수 있다.

[0130] 용어 "효현제"는 가장 광의의 의미로 사용되고, 본 명세서에 개시된 네이티브 폴리펩타이드의 생물학적 활성을 모방하는 임의의 분자를 포함한다. 적합한 효현제 분자는 구체적으로 효현제 항체 또는 항체 단편, 네이티브 폴리펩타이드의 단편 또는 아미노산 서열 변이체, 펩타이드, 작은 유기 분자 등을 포함한다. 네이티브 폴리펩타이드의 효현제를 확인하는 방법은 네이티브 폴리펩타이드를 후보 효현제 분자와 접촉시키는 단계 및 네이티브 폴리펩타이드와 보통 관련되는 하나 이상의 생물학적 활성의 검출 가능한 변화를 측정하는 단계를 포함할 수 있다.

[0131] 본 명세서에 사용되는 "치료한다" 또는 "치료하는" 또는 "완화하는" 또는 "경감시키는"은 상호 교환되어 사용되고, 치료학적 이익을 성취하거나, 기존의 병증의 중증도를 치유하거나 감소시키거나, 예방학적 이익을 성취하거나, 발병 가능성 또는 병증 발생의 중증도를 예방하거나 감소시키는 약물 또는 생물물질을 투여하는 것을 의미한다. 치료학적 이익은, 피험체에서 개선이 관찰되더라도 피험체가 기초하는 병증으로 여전히 피해를 입게 되는, 치료되는 기초 병증 또는 기초 병증과 관련된 하나 이상의 생리학적 병증의 소거 또는 경감을 의미한다.

[0132] 본 명세서에 사용되는 "치료학적 효과" 또는 "치료학적 이익"은, 생물학적 활성 단백질이 보유하는 항원 에피토프에 대한 항체의 제조를 유도하는 능력 이외의 본 발명의 융합 단백질의 투여로부터 생기는, 인간 또는 다른 동물에서 질환의 완화, 경감 또는 예방 또는 그렇지 않으면 인간 또는 동물의 신체 또는 정신 웰빙의 증대(이들로 제한되지는 않음)를 포함하는 생리학적 효과를 의미한다. 예방학적 이익을 위해, 특정한 질환, 병증 또는 질환의 증상(예를 들면, A형 혈우병이 진단된 피험체에서의 출혈)을 발생시킬 위험에 있는 피험체 또는 이 질환의 진단이 이루어질 수 없더라도 하나 이상의 질환의 생리학적 증상이 보고된 피험체에게 상기 조성물을 투여할 수 있다.

[0133] 본 명세서에 사용되는 용어 "치료학적 유효량" 및 "치료학적 유효 용량"은 1회 또는 반복 용량으로 피험체에게 투여될 때 질환 상태 또는 병증의 임의의 증상, 양태, 측정된 매개변수 또는 특성에 대해 임의의 검출 가능한 유리한 효과를 가질 수 있는, 단독의 또는 융합 단백질 조성물의 일부로서의, 약물 또는 생물학적 활성 단백질의 양을 의미한다. 이러한 효과는 유리하도록 절대적일 필요는 없다. 치료학적 유효량의 결정은 특히 본 명세서에 제공된 상세한 개시내용의 견지에서 당해 분야의 당업자의 능력 내에 있다.

[0134] 본 명세서에 사용되는 용어 "치료학적 유효 용량 섭생"은, 단독의 또는 융합 단백질 조성물의 일부로서의, 생물학적 활성 단백질의 연속 투여된 다회 용량(즉, 적어도 2개 이상)의 스케줄을 의미하고, 이 용량은 질환 상태 또는 병증의 임의의 증상, 양태, 측정된 매개변수 또는 특성에 지속적인 유리한 효과를 발생시키는 치료학적 유효량으로 제공된다.

[0135] **I). 일반적인 기법**

[0136] 본 발명의 실행은, 달리 기재되지 않은 한, 당해 분야의 기술 내에 있는 면역학, 바이오화학, 화학, 분자 생물학, 마이크로생물학, 세포 생물학, 유전학 및 재조합 DNA의 종래의 기법을 이용한다. 문헌[Sambrook, J. *et al.*, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual," 3rd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001; "Current protocols in molecular biology", F. M. Ausubel, *et al.* eds.,1987; the series "Methods in Enzymology," Academic Press, San Diego, CA.; "PCR 2: a practical approach", M.J. MacPherson, B.D. Hames and G.R. Taylor eds., Oxford University Press, 1995; "Antibodies, a laboratory manual" Harlow, E. and Lane, D. eds., Cold Spring Harbor Laboratory,1988; "Goodman & Gilman's The Pharmacological Basis of Therapeutics," 11th Edition, McGraw-Hill, 2005; 및 Freshney, R.I., "Culture of Animal Cells: A Manual of Basic Technique," 4th edition, John Wiley & Sons, Somerset, NJ, 2000](이들 내용은 본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)을 참조한다.

[0137] **II). 응고 VIII 인자**

[0138] 본 발명은, 부분적으로, CFXTEN 융합 단백질 조성물을 생성시키는 하나 이상의 연장된 재조합 단백질(XTEN)에 연결된 VIII 인자 응고 인자(CF)를 포함하는 조성물을 의미한다. 본 명세서에 사용되는 "CF"는 하기 기재된 바대로 VIII 인자(FVIII) 또는 FVIII의 모방체, 서열 변이체 및 절두된 버전을 의미한다.

[0139] "VIII 인자" 또는 "FVIII" 또는 "FVIII 단백질"은 혈액 응고 인자 단백질 및 (인간, 돼지, 개과, 래트 또는 쥣과 FVIII 단백질을 포함하는) 종, 및 (19개-아미노산 소수성 신호 펩타이드를 갖는) 2351개의 아미노산 단쇄 전구체 단백질, 도메인 구조 A1-A2-B-A3-C1-C2를 갖는 대략 270-330kDa의 성숙 2332개의 아미노산 VIII 인자 보조인자 단백질, 및 1-1648번(성숙 FVIII 형태에 대해 넘버링됨) 아미노산의 (90-220kD 범위의) A1-A2-B 및 1649-2232번 아미노산의 80kDa의 경쇄 A3-C1-C2(각각 도 1에 도식적으로 도시됨)로 이루어진 중쇄 형태의 R1648 후 단백질분해 개열의 결과로서 형성되는 2개의 사슬의 순환하는 이형이합체인, FVIII의 비효소 "활성" 또는 보조인자 형태(FVIIIa)(이들로 제한되지는 않음)를 포함하는 이들의 서열 변이체를 의미한다. 추가로, 본 명세서에 사용되는, 각각의 A1, A2 및 A3 도메인은 각각 산성 스페이서 영역; a1, a2 및 a3 산성 구역을 포함한다. 따라서, A1, A2, A3, B, C1 및 C2 도메인을 갖는 것으로 기재된 CFXTEN 작제물이 a1, a2 및 a3 산성 구역을 포함하는 것으로 이해된다. 본 명세서에 사용되는 "VIII 인자" 또는 "FVIII" 또는 "FVIII 폴리펩타이드"는, 변이체

가 원하는 생물학적 활성, 예컨대 응고촉진 활성을 보유하는 한, 치환, 첨가 및/또는 결실을 갖는 단백질을 포함하는 변이체 형태를 또한 포함한다. 미리어드(Myriad) 기능적 FVIII 변이체는 작제되고 본 명세서에 기재된 재조합 FVIII 단백질로서 사용될 수 있다. PCT 공보 WO 2011/069164 A2, WO 2012/006623 A2, WO 2012/006635 A2 또는 WO 2012/006633 A2(이들 모두 본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)를 참조한다. 가장 많은 기능적 FVIII 변이체가 공지되어 있다. 또한, FVIII에서의 수백개의 비기능적 돌연변이가 혈우병 환자에서 확인되었다. 예를 들면, 문헌[Cutler et al., Hum. Mutat. 19:274-8 (2002)](본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)을 참조한다. 또한, 인간과 다른 종 사이의 FVIII의 비교는 작용에 필요한 수 있는 보존된 잔기를 확인하였다. 예를 들면, 문헌[Cameron et al., Thromb. Haemost. 79:317-22 (1998)] 및 US 6,251,632(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)을 참조한다.

[0140] 일 실시형태에서, 인간 VIII 인자 도메인은 하기 아미노산 잔기로 정의된다: A1, Ala1-Arg372 잔기; A2, Ser373-Arg740 잔기; B, Ser741-Arg1648 잔기; A3, Ser1649-Asn2019 잔기; C1, Lys2020-Asn2172 잔기; C2, Ser2173-Tyr2332 잔기. A3-C1-C2 서열은 Ser1649-Tyr2332 잔기를 포함한다. 다른 실시형태에서, Arg336-Arg372 잔기는 보통 a1 구역으로 언급되고, Arg372는 트롬빈에 의해 개열된다. 특정한 실시형태에서, a2 구역은 A1 도메인의 일부이다. 다른 실시형태에서, Glu1649-Arg1689 잔기는 a3 산성 구역으로 언급된다. 특정한 실시형태에서, a3 산성 구역은 A3 도메인의 일부이다. 다른 실시형태에서, 네이티브 FVIII 단백질은 화학식: A1-a1-A2-a2-B-a3-A3-C1-C2(식 중, A1, A2 및 A3은 구조적 관련 "A 도메인"이고, B는 "B 도메인"이고, C1 및 C2는 구조적 관련 "C 도메인"이고, a1, a2 및 a3은 산성 스페이서 영역임)을 갖는다. 상기 화학식에서, 도 30에서의 1차 아미노산 서열 위치를 참조하면, 인간 FVIII의 A1 도메인은 Ala1로부터 약 Arg336으로 연장되고, a1 스페이서 영역은 약 Met337로부터 내지 약 Arg372로 연장되고, A2 도메인은 약 Ser373으로부터 약 Tyr719로 연장되고, a2 스페이서 영역은 약 Glu720으로부터 약 Arg740으로 연장되고, B 도메인은 약 Ser741로부터 약 Arg1648로 연장되고, a3 스페이서 영역은 약 Glu1649로부터 약 Arg1689로 연장되고, A3 도메인은 약 Ser1690으로부터 약 Asn2019로 연장되고, C1 도메인은 약 Lys2020으로부터 약 Asn2172로 연장되고, C2 도메인은 약 Ser2173으로부터 Tyr2332로 연장된다(Saenko et al., 2005, J Thromb Hemostasis, 1, 922-930). 특이적 단백질분해 개열 자리 이외에, FVIII의 도메인과 구역 사이의 경계의 위치의 지칭은 상이한 참조문헌에서 변할 수 있다. 따라서, 본 명세서에 기재된 경계는 용어 "약"의 사용에 의해 대략적인 것으로 지칭된다.

[0141] 이러한 VIII 인자는 부분적인 또는 대부분의 B 도메인 서열이 결실된 B 도메인 결실 "BDD" 서열(예컨대, 미국 특허 6,818,439 및 7,632,921에 개시되거나 언급된 BDD 서열)과 같은 절두된 서열을 포함한다. BDD FVIII의 예는 레팍토(REFACTO)(등록상표) 또는 진타(XYNTHA)(등록상표)(재조합 BDD FVIII)이고, 이는 도 30의 1638번 내지 2332번 아미노산에 상응하는 제2 폴리펩타이드에 융합된 도 30의 1번 내지 743번 아미노산에 상응하는 제1 폴리펩타이드를 포함한다. 본 발명의 재조합 단백질을 제조하기 위해 사용될 수 있는 예시적인 BDD FVIII 작제물은 성숙 인간 FVIII의 747-1638번 아미노산에 상응하는 아미노산의 결실을 갖는 FVIII(도 30)(Hoeben R.C., et al. J. Biol. Chem. 265 (13): 7318-7323 (1990)(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨) 및 성숙 인간 FVIII의 771-1666번 아미노산 또는 868-1562번 아미노산에 상응하는 아미노산의 결실을 갖는 FVIII(도 30)(Meulien P., et al. Protein Eng. 2(4): 301-6 (1988)(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다.

[0142] 또한, 서열은 비상동 아미노산 삽입 또는 치환(예컨대, 75번 위치에서 발린에 치환된 아스파르트산) 또는 중쇄 및 경쇄가 링커에 의해 공유 결합된 단일 사슬 FVIII(scFVIII)을 포함한다. 본 명세서에 사용되는 "FVIII"은 이러한 피험체, 예를 들면 A형 혈우병을 지닌 피험체에게 투여될 때 인간 VIII 인자 결핍증을 보정할 수 있는 혈액 응고 VIII 인자의 통상적인 특성을 갖는 VIII 인자 분자의 임의의 기능적 형태이다. FVIII 또는 서열 변이체는 미국 특허 또는 출원 제4,757,006호; 제4,965,199호; 제5,004,804호; 제5,198,349호; 제5,250,421호; 제5,919,766호; 제6,228,620호; 제6,818,439; 7,138,505호; 제7,632,921호; 및 제20100081615호에 기재된 바대로 단리되고 규명되고 클로닝된다.

[0143] 인간 VIII 인자는 X 염색체(q28)의 긴 암의 끝에 있는 단일 카피 유전자에 의해 코딩된다. 이는 거의 186,000개의 염기쌍(bp)을 포함하고, 대략 0.1%의 X-염색체를 구성한다(White, G.C. and Shoemaker, C.B., Blood (1989) 73:1-12). 인간 FVIII 아미노산 서열은 미국 특허 제4,965,199호(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)에 도시된 바대로 cDNA로부터 추론된다. cDNA 서열로부터 유래한 네이티브 성숙 인간 FVIII(즉, 분비 신호 펩타이드 없이, 그러나 다른 번역후 프로세싱 전에)은 도 3에 제시되어 있다.

[0144] 성숙 VIII 인자 mRNA를 코딩하는 DNA는 69 내지 3,106bp의 크기 범위의 26개의 별개의 엑손에서 발견된다. 엑손을 분리시키는 25개의 개재 인트론 구역은 207 내지 32,400bp 크기 범위이다. 완전한 유전자는 대략 9kb의 엑손

및 177kb의 인트론으로 이루어진다. 3개의 반복 A 도메인은 대략 30%의 서열 상동성을 갖는다. B 도메인은 대략 25개의 예측된 글라이코실화 자리 중 19개를 포함하고, A3 도메인은 폰빌레브란트 인자에 대한 결합 자리를 포함하는 것으로 생각된다. 탠덤 C 도메인은 A3 도메인 뒤에 있고 서로에 대략 37%의 상동성을 갖는다(White, G.C. and Shoemaker, C.B., Blood (1989) 73:1-12).

[0145] B 도메인은 새로 합성된 전구체 단쇄 분자에서 네이티브 인자 FVIII의 A2 및 A3 도메인을 분리시킨다. B 도메인의 정확한 경계가 전구체 서열의 712번 내지 1648번 아미노산(Wood et al., Nature (1984) 312:330-337) 또는 741-1648번 아미노산(Pipe, SW, Haemophilia (2009) 15:1187-1196 및 US 특허 제7,560,107) 또는 740-1689번 아미노산(Toole, JJ. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1986) 83:5939-5942)으로부터 연장되는 것으로 다양하게 보고되어 있다. 본 명세서에 사용되는 "B 도메인" 성숙 VIII 인자의 741-1648번 아미노산을 의미한다. 본 명세서에 사용되는 "FVIII B 도메인 결실" 또는 "FVIII BDD"는 741번 내지 1648번 아미노산의 전부 또는 이의 임의의 단편이 결실된 FVIII 서열을 의미한다. 일 실시형태에서, FVIII BDD 변이체는 N 말단 종점(본 명세서에 사용되는 "B1") 및 C 말단 종점(본 명세서에 사용되는 "B2")으로부터의 B 도메인의 잔여 아미노산을 보유한다. 하나의 FVIII BDD 변이체에서, B 도메인 잔여 아미노산은 SFSQNPPVLKRHQR(서열 번호 1614)이다. 하나의 FVIII BDD 변이체에서, B1 잔여는 SFS이고, B2 잔여는 QNPPVLKRHQR(서열 번호 1615)이다. 다른 FVIII BDD 변이체에서, B1 잔여는 SFSQN(서열 번호 1616)이고, B2 잔여는 PPVLKRHQR(서열 번호 1617)이다. "B 도메인 결실 VIII 인자", "FVIII BDD" 또는 "BDD FVIII"은 미국 특허 제6,316,226호, 제6,346,513호, 제7,041,635호, 제5,789,203호, 제6,060,447호, 제5,595,886호, 제6,228,620호, 제5,972,885호, 제6,048,720호, 제5,543,502호, 제5,610,278호, 제5,171,844호, 제5,112,950호, 제4,868,112호 및 제6,458,563호(각각 본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)에 개시된 완전 또는 부분 결실을 가질 수 있다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명의 B 도메인 결실 VIII 인자 서열은 미국 특허 제6,316,226호의 4열 4라인 내지 5열 28라인 및 실시예 1-5에(또한 US 제6,346,513호에서) 개시된 결실 중 임의의 하나를 포함한다. 다른 실시형태에서, B 도메인 결실 VIII 인자는 S743/Q1638 B 도메인 결실 VIII 인자(SQ 버전 VIII 인자)(예를 들면, 744번 아미노산 내지 1637번 아미노산의 결실을 갖는 VIII 인자, 예를 들면 전장 VIII 인자의 1-743번 아미노산 및 1638-2332번 아미노산을 갖는 VIII 인자)이다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명의 B 도메인 결실 VIII 인자는 미국 특허 제5,789,203호의 2열 26-51라인 및 실시예 5-8(또한 US 제6,060,447호, 제US 5,595,886호 및 US 제6,228,620호)에 개시된 결실을 갖는다. 몇몇 실시형태에서, B 도메인 결실 VIII 인자는 US 특허 제5,972,885호의 1열 25라인 내지 2열 40라인; 미국 특허 제6,048,720호의 6열 1-22라인 및 실시예 1; 미국 특허 제5,543,502호의 2열 17-46라인; 미국 특허 제5, 171,844호의 4열 22라인 내지 5열 36라인; 미국 특허 제5, 112,950호의 2열 55-68라인, 도 2 및 실시예 1; 미국 특허 제4,868,112호의 2열 2라인 내지 19열 21라인 및 표 2; 미국 특허 제7,041,635호의 2열 1라인 내지 3열 19라인, 3열 40라인 내지 4열 67라인, 7열 43라인 내지 8열 26라인 및 11열 5라인 내지 13열 39라인; 또는 미국 특허 제6,458,563호의 4열 25-53라인에 기재된 결실을 갖는다. 몇몇 실시형태에서, B 도메인 결실 VIII 인자는 B 도메인의 대부분의 결실을 갖지만, WO 91/09122(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)에 개시된 바대로 1차 번역 생성물의 2개의 폴리펩타이드 사슬로의 *생체내* 단백질분해 처리에 필수적인 B 도메인의 아미노 말단 서열을 여전히 포함한다. 몇몇 실시형태에서, 747-1638번 아미노산의 결실, 즉 B 도메인의 실질적인 완전한 결실을 갖는 B 도메인 결실 VIII 인자가 작제된다. Hoeben R.C., *et al. J. Biol. Chem.* 265 (13): 7318-7323 (1990)(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨). B 도메인 결실 VIII 인자는 VIII 인자의 771-1666번 아미노산 또는 868-1562번 아미노산의 결실을 또한 포함할 수 있다. Meulien P., *et al. Protein Eng.* 2(4): 301-6 (1988)(본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨). 본 발명의 일부인 추가의 B 도메인 결실은 982번 내지 1562번 또는 760번 내지 1639번(Toole *et al., Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* (1986) 83, 5939-5942)), 797번 내지 1562번(Eaton, *et al. Biochemistry* (1986) 25:8343-8347)), 741번 내지 1646번(Kaufman(PCT 공개 출원 WO 87/04187)), 747번 내지 1560번(Sarver, *et al., DNA* (1987) 6:553-564)), 741번 내지 1648번(Pasek(PCT 출원 88/00831)) 또는 816번 내지 1598번 또는 741번 내지 1648번(Lagner (Behring Inst. Mitt. (1988) No 82:16-25, EP 295597))(각각 본 명세서에 그 전문이 참조문헌으로 포함됨) 아미노산의 결실을 포함한다. 각각의 상기 결실은 본 발명의 실시형태에 사용되는 임의의 VIII 인자 서열에서 제조될 수 있다.

[0146] 응고에 관여하는 단백질은 I 인자, II 인자, III 인자, IV 인자, V 인자, VI 인자, VII 인자, VIII 인자, IX 인자, X 인자, XI 인자, XII 인자, XIII 인자, 단백질 C 및 조직 인자(총체적으로 또는 개별적으로 "응고 단백질(들)")를 포함한다. 내재성 및 외재성 응고 경로에서의 주요 응고 단백질의 상호작용은 도 2에 도시되어 있다. 대부분의 응고 단백질은 지모겐 형태로 존재하지만, 활성화될 때, 다른 응고 단백질을 활성화하는(내재성 또는 외재성 응고 경로 및 응고 형성에 기여함) 응고촉진 프로테아제 활성을 나타낸다. 응고 캐스케이드의 내재성 경로에서, FVIII은 활성화된 IX 인자, X 인자, 칼슘 및 인지질의 복합체와 회합된다. VIII 인자 이형이합체

는 효소 활성을 갖지 않지만, 이형이합체는 트롬빈 또는 Xa 인자에 의한 단백질분해 활성화 후 효소 IXa 인자의 보조인자로서 활성이 되고, VIIIa 인자의 활성은 IXa 인자에 의한 X 인자의 활성화에 적합한 입체구성에서 IXa 인자 및 X 인자에 대한 막 결합 자리를 형성하는 이의 능력을 특징으로 한다. 트롬빈에 의한 개열 시, 활성화된 FVIII(FVIIIa)은 폰빌레브란트 인자로부터 해리되고 음으로 하전된 인지질 PL에 결합하고 생성된 복합체는 X 인자 활성화 (테나스(tenase)) 복합체에서 IXa 인자에 대한 보조인자로서 참가한다. A3 도메인에서 1649번 내지 1689번 아미노산 잔기 및 C2 도메인 내에 폰빌레브란트 인자와 복합체화하도록 작용하는 폰빌레브란트 인자(vWF) 결합 자리가 있고, 생성된 순환하는 복합체는 FVIII을 혈액 중 신속한 분해로부터 보호한다(Weiss HJ, et al. Stabilization of factor VIII in plasma by the von Willebrand factor. Studies on posttransfusion and dissociated factor VIII and in patients with von Willebrand's disease. J Clin Invest (1977) 60:390).

[0147] 활성화된 VIII 인자는 A1 도메인 및 A2 도메인 및 A3-C1-C2 도메인을 포함하는 경쇄로 이루어진 이형삼합체이다. IX 인자의 활성화는 분자로부터 활성화 펩타이드(Ala 146-Arg 180)의 2단계 제거에 의해 성취된다(Bajaj et al., Human factor IX and factor IXa, METHODS IN ENZYMOLOGY. 1993). 제1 개열은 XIa 인자 또는 VIIa 인자/조직 인자에 의해 Arg 145-Ala 146 자리에서 이루어진다. 제2 및 속도 제한 개열은 Arg 180-Val 181에서 이루어진다. 활성화는 35개의 잔기를 제거한다. 활성화된 인간 IX 인자는 효소를 Gla 도메인에 부착하는 1개의 이황화 결합에 의해 함께 보유된 C 말단 중쇄(28kDa) 및 N 말단 경쇄(18kDa)의 이형이합체로서 존재한다. IXa 인자는 결국 활성화된 VIII 인자와 협력하여 X 인자를 활성화한다. 대안적으로, IX 인자 및 X 인자는 둘 다 외재성 경로를 통해 생성된 지질화 조직 인자와 복합체화된 VIIa 인자에 의해 활성화될 수 있다. 이후, Xa 인자는 최종 일반 경로에 참가하고, 프로트롬빈은 트롬빈 및 트롬빈으로 전환되어, 결국 피브리노겐을 피브린으로 전환하여 혈전을 형성한다.

[0148] 응고 과정의 결함은 혈전 형성에 걸리는 시간이 연장되는 출혈 장애(응고장애)를 발생시킬 수 있다. 이러한 결함은 선천성 또는 후천성일 수 있다. 예를 들면, A형 및 B형 혈우병은 각각 FVIII 및 FIX의 결핍을 특징으로 하는 유전 질환이다. 달리 기재하면, 생물학적 활성 VIII 인자는 A형 혈우병으로 고생하는 개인 유래의 혈장에서의 응고 결함을 보정한다. 재조합 FVIII은 효과적인 것으로 나타났고, 성인 및 소아 환자에서 A형 혈우병의 치료에 승인받았고, 또한 출혈 에피소드를 중지하거나 외상 및/또는 수술과 관련된 출혈을 방지하도록 사용된다. VIII 인자의 현재의 치료학적 용도는 VIII 인자의 결핍을 나타내는 개인 및 폰빌레브란트병을 지닌 개인의 치료에서 문제가 될 수 있다. 또한, 대체 치료에서 VIII 인자를 투여받은 개인은 결합된 FVIII의 응고촉진 활성을 대개 감소시키거나 제거하는 이 단백질에 대해 항체를 흔히 발생시킨다. 치료의 효능을 감소시키거나 무효화하는 이 항체의 존재로 인해 극도로 연속 치료는 어렵다.

[0149] 일 양태에서, 본 발명은, 예컨대 인간, 비인간 영장류, 포유동물(가축 포함)로부터 천연인 서열인 FVIII 서열, 또는 FVIII의 절두된 버전에 상동성을 갖는 서열인 인간 FVIII에 동일한 CFXTEN 융합 단백질 조성물에서 FVIII 서열의 포함을 고려하고; 이들 모두 A형 혈우병 또는 외상, 수술 또는 응고 VIII 인자의 결핍과 관련된 출혈 에피소드를 예방하거나, 치료하거나, 중재하거나, 경감시키는 데 유용한 네이티브 FVIII의 응고촉진 활성의 적어도 일부를 보유한다. FVIII에 상동성을 갖는 서열은 표준 상동성 조사 기법, 예컨대 NCBI BLAST에 의해 또는 공중 데이터베이스, 예컨대 화학 목록 색인 데이터베이스(Chemical Abstracts Services Database)(예를 들면, CAS 등록번호), 진뱅크(GenBank), 유니버셜 단백질 리소스(The Universal Protein Resource)(유니프로트(Uniprot)) 및 가입 제공 데이터베이스, 예컨대 GenSeq(예를 들면, Derwent)에서 확인할 수 있다.

[0150] 일 실시형태에서, 당해 CFXTEN 조성물에 편입된 FVIII는 천연에서 발견되는 FVIII 단백질에 상응하는 서열을 갖는 재조합 폴리펩타이드이다. 다른 실시형태에서, FVIII은 상응하는 네이티브 FVIII의 응고촉진 활성의 적어도 일부를 보유하는 천연 서열의 비천연 FVIII 서열 변이체, 단편, 동족체 또는 모방체이다. 다른 실시형태에서, FVIII은 B 도메인의 전부 또는 일부가 결실된 절두된 변이체("FVIII BDD")이고, 이형이합체 형태로 있거나 단일 사슬("scFVIII")로서 있을 수 있고, 단일 사슬은 문헌[Meulien et al., Protein Eng. (1988) 2(4):301-306]에 기재되어 있다. FVIII BDD의 비제한적인 예는 741번 잔기와 1640번 잔기(네이티브 성숙 FVIII에 대해 넘버링됨) 사이 또는 745번 잔기와 1640번 잔기 사이 또는 745번 잔기와 1640번 잔기 사이 또는 741번 잔기와 1690번 잔기 사이 또는 745번 잔기와 1667번 잔기 사이 또는 745번 잔기와 1657번 잔기 사이 또는 747번 잔기와 1642번 잔기 사이 또는 751번 잔기와 1667번 잔기 사이에 아미노산이 결실된 VIII 인자 서열이다.

[0151] 다른 실시형태에서, 비상동 서열은 하기 더 완전히 기재된 것처럼 XTEN을 포함할 수 있는 FVIII로 편입된다. 표 1은 본 발명의 CFXTEN 융합 단백질에 의해 포함된 FVIII 아미노산 서열의 비제한적인 목록을 제공한다. 몇몇 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질로 편입된 FVIII은 표 1로부터 선택된 필적하는 길이의 아미노산 서열과 비교하

여 적어도 약 70%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 단백질을 포함한다.

표 1

FVIII 아미노산 서열

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
FVIII 전구체 폴리펩타이드 (인간)	MQIELSTCFFLCLLRFCFSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPK SFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKEN GPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLF AVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKS VYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLL FCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFD DDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNG PQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASR PYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPR CLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENR SWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWY ILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHPS TRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLLMLLRQSPTPHGLSLS DLQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFTPESGLQLRLNE KLGTTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSMPVHYDSQL DTTLFGKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTESGRLF KGKRAHGPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSVW QNILESDTEFKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKE GPIPPDAQNPDMSFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSV EGQNFLSEKNKVVVGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEK KIQEEIEKKETLIQENVVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVL QDFRSLNDSTNRTKKHTAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQ QNFVTQRSKRALKQFRLPLEETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNE KEKGAITQSPLSDCLTRSHSIPQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPA ASYRKKDSGVQESSHFLQGAKKNNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTY KKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPKVHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQ GTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAKTPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWK SQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINEGQNKPEIEVTWAKQGRTERLCS QNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQK KTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPL YRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPR KNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLL VCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPT FKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVR KKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNK CQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDL LAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVD SSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDA QITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVT GVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVN SLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY	1
FVIII 성숙 (인간)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTD PWFAHRTPMPKIQNVSSSDLLMLLRQSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAID	2

[0152]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	SNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFTPESGLQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSST SNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSMPVHYDSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSL SEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTESGRLFKGKRAHGPALLTKDNALFK VSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSVWQNILESDTEFKKVTPLIHDR MLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPIPPDAQNPDMSFFKMLFL PESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNFLSEKNKVVVGKGEF TKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKKETLIQENVVLP QIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNRTKKHTA HFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQFRLPL EETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSHS IPQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQG AKKNNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKV ELLPKVHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFL RVATESSAKTPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLN ACESNHAIAAINEGQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSD QEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSS SPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVE DNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHH MAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEF ALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETV EMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASG QYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSL YISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHP THYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKA RLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEF LISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVH QIALRMEVLGCEAQDLY	
FVIII (개과)	MQVELYTCCFLCLLPFSLSATRKYYLGAVELSWDYMQSDLLSALHADTSFSSRVP GSLPLTTSVTYRKTVFVEFTDDLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVIVLKN MASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYEDQTSQKEKEDDNVIPGESHTYVWQVLKE NGPMASDPPCLTYSYFSHVDLVKDLNSGLIGALLVCKEGSLAKERTQTLQEFVLL FAVFDEGKSWHSETNASLTQAEAQHELHTINGYVNRSLPGLTVCHKRSVYWHVI GMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTFLMDLGQFLLFCHIPSH QHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEDKDYDDGLYDSDMDVVSFDDDSSSPFI QIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPSGPTPNDRSHKNLYLNNGPQRIGKKY KKVRFVAYTDETFKTREAIQYESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGI NYVTPLHTGRLPKGVKHLKDMPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSS FINLERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQMMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTEN MQRFLPNADVVQPHDPEFQLSNIMHSINGYVFDNLQLSVCLHEVAYWYILSVGA QTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWVLGCHNSDFR NRGMTALLKVSSCNRNIDDYYEDTYEDIPTPLLNENNVIKPRSFSQNSRHPSTKEK QLKATTTPENDIEKIDLQSGERTQLIKAQSVSSSDLLMLLGQNPTPRGLFLSDLREA TDRADDHSRGAIERNKGPPEVASLRPELRHSEDREFTPEPELQLRLNENLGTNTTV ELKKLDLKISSSSDSLMTSPTIPSDKLAAATEKTGSLGPPNMSVHFNSHLGTIVFGN NSSHLIQSGVPLELSEEDNDSKLLEAPLMNIQESSLRENVLSMESNRLFKEERIRGP ASLIKDNALFKVNISSVKTNRAPVNLTTNRKTRVAIPTLLIENSTSVWQDIMLERN TEFKEVTSLIHNETFMDRNTTALGLNHVSNKTTLSKNVEMAHQKKEDPVPLRAE NPDLSSSKIPFLPDWIKTHGKNSLSSEQRPSPKQLTSLGSEKSVKDQNFLSEEKVVV GEDEFTKDTELQEIFPNNKSIFFANLANVQENDTYNQEKKSPEEIERKEKLTQENV ALPQAHTMIGTKNFLKNLFLLSTKQNVAGLEEQPYTPILQDTRSLNDSPHSEGIHM ANFSKIREEANLEGLGNQTNQMVERFPSTTRMSSNASQHVITQRGKRSLKQPRLS QGEIKFERKVIANDTSTQWSKNMNYLAQGTLTQIEYNEKEKRAITQSPLSDCSMR NHVTIQMNDSALPVAKESASPSVRHTDLTKIPSQHNSSHLPASACNYTFRERTSGV QEGSHFLQEAKRNNLSLAFVTLGITEGQGKFSSLGKSATNQPMYKKLENTVLLQP GLSETSDKVELLSQVHVDQEDSFPTKTSNDSPGHLDLMGKIFLQKTQGPVKMNK TNSPGKVPFLKWATESSEKIPSKLLGVLAWDNHYDTQIPSEEWKSQKKSQTNTAF KRKDTILPLGPCENNDSTAAINEGQDKPQREAMWAKQGEPGRLCSQNPPVSKHH QREITVTTLQPEEDKFEYDDTFSIEMKREDFDIYGDYENQGLRSFQKKTRHYFIAA VERLWDYGMSRSPHILRNRAQSGDVQQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHL	3

[0153]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	GLLGPYIRAEVEDNIVVTFKNQASRPYSFYSSLISYDEDEGQGAEPRRKFVNPNET KIYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLICRSNTLNPA HGRQVTVQEFALVFTIFDETKSWYFTENLERNCRAPCNVQKEDPTLKENFRFHAI NGYVKDTLPGLVMAQDQKVRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMA VYNLYPGVFETVEMLPSQVGIWRIECLIGEHLQAGMSTLFLVYSKKCQTPLGMAS GHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKDPFSWIKVDLLAPMIIHGI MTQGARQKFSSLYVSQFIIMYSLDGNKWHSYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNI FNPPIIAQYIRLHPTHYSIRSTLRMELLGCDFNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYLS SMLATWSPSQARLHLQGRTNAWRPQANNPKEWLQVDFRKTMKVTGITTQGVKS LLISMYVKEFLISSSQDGHNWTLFLQNGKVKVFQGNRDSSTPVRNRLEPPLVARY VR LHPQSWAHHIALRLEVLGCDTQQPA	
FVIII (돼지)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTD PWFAHRTPMPKIQNVSSSDLLMLLRQSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAID SNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFTPESGLQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSST SNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSMPVHYDSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSL SEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTESGRLFKGKRAHGPALLTKDNALFK VSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSVWQNILESDTEFKKVTPLIHDR MLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPIPPDAQNPDMSFFKMLFL PESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNFLSEKNKVVVGKGEF TKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKKETLIQENVVLP QIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNRTKKHTA HFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQFRLPL EETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSHS IPQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQG AKKNNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKV ELLPKVHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFL RVATESSAKTPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLN ACESNHAIAAINEGQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSD QEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSS SPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVE DNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHH MAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEF ALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETV EMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASG QYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSL YISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHP THYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKA RLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEF LISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVH QIALRMEVLGCEAQDLY	4
FVIII (마우스)	AIRRYYLGAVELSWNYIQSDLLSVLHTDSRFLPRMSTSFPFNTSIMYKKTVFVEYK DQLFNIAKPRPPWMGLLGPTIWTEVHDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGDEYEDQTSQMEKEDDKVFPGESHTYVWQVLKENGPMASDPPCLTYSYMSHV DLVKDLNSGLIGALLVCKEGSLSKERTQMLYQFVLLFAVFDEGKSWHSETNDSY TQSMDSASARDWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEIHSIF LEGHTFFVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLIDLGQFLLFCHISSHKHDGMEAYVKV	5

[0154]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	DSCPEESQWQKKNNNEEMEDYDDDLYSEMDMFTLDYDSSPFIQIRSVAKKYPKT WIHYISAEEEDWDYAPSVPTSDNGSYKSQYLSNGPHRIGRKYKKVRFIAYTDETF KTRETIQHESGLLGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVSPLHARRLPR GIKHVKDLPIHPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFINPERDLASGLIGP LLICYKESVDQRGNQMMSDKRNVILFSIFDENQSWYITENMQRFLPNAAKTQPQD PGFQASNIMHSINGYVFDSLELTVCLHEVAYWHILSVGAQTDFLSIFFSGYTFKHK MVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWVLGCHNSDFRKRGMTALLKVSSCDKST SDYYEEIYEDIPTQLVNENNVIDPRSFFQNTNHPNTRKKKFKDSTIPKNDMEKIEPQ FEEIAEMLKVQSVSVSDMLMLLGQSHPTPHGLFLSDGQEAIYEAIHDDHSPNAIDS NEGPSKVTQLRPESHHSEKIVFTPQPGLQLRSNKSLETTIEVKWKKLGLQVSSLPS NLMTTTILSDNLKATFEKTDSSGFPDMPVHSSSKLSTTAFGKKAYSLVGSHVPLN ASEENSDSNILDSTLMYSQESLPRDNILSIENDRLLREKRFHGIALLTKDNTLFKDN VSLMKTNKTYNHSTTNEKLHTESPTSIENSTTDLQDAILKVNSEIQEVTALIHDGT LLGKNSTYLRLNHMLNRTTSTKNKDIFHRKDEDPIPQDEENTIMPFSKMLFLSESS NWFKKTNGNNSLNSEQEHSPKQLVYLMFKKYVKNQSFLSEKNKVTVEQDGFTK NIGLKDMAFPHNMSIFLTTLSNVHENGRHNQEKNIQEEIEKEALIEEKVVLPQVHE ATGSKNFLKDILILGTRQNISLYEVHVPVLQNITSINNSTNTVQIHMEHFFKRRKDK ETNSEGLVNKTREMVKNYPSQKNITTQRSKRALGQFRLSTQWLKTINCSTQCIIKQ IDHSKEMKKFITKSSLSDSSVIKSTTQTNSSDSHIVKTSAFPPIDLKRSPFQNKFSHV QASSYIYDFKTKSSRIQESNNFLKETKINNPSLAILPWNMFIDQGKFTSPGKSNTNS VTYKKRENIIFLKPTLPEESGKIELLPQVSIQEEEILPTETSHGSPGHLNLMKEVFLQ KIQGPTKWNKAKRHGESIKGKTESSKNTRSKLLNHHAWDYHYAAQIPKDMWKS KEKSPEIISIKQEDTILSLRPHGNSHSIGANEKQNWPQRETTWVKQGQTQRTCSQIP PVLKRHQRELSAFQSEQEATDYDDAITIETIEDFDIYSEDIKQGPRSFQQKTRHYFI AAVERLWDYGMSTSHVLRNRYQSDNVPQFKKVVFQEFTDGSFSQPLYRGELNEH LGLLGPYIRAEVEDNIMVTFKNQASRPYSFYSSLISYKEDQRGEEPRRNFVKPNET KIYFWKVQHHMAPTEDEFDCKAWAYFSDVDLERDMHSGLIGPLLICHANTLNPA HGRQVSVQEFALLFTIFDETKSWYFTENVKRNCKTPCNFQMEDPTLKENYRFHAI NGYVMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGNNENIQSIHFSGHVFTVRKKEEYKMA VYNLYPGVFETLEMIPSRAGIWRVECLIGEHLQAGMSTLFLVYSKQCQIPLGMAS GSIRDFQITASGHYGQWAPNLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIVHGIK TQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWLSYQGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNSF NPPIIARYIRLHPTHSSIRSTLRMELMGCDLNSCSIPLGMESKVISDTQITASSYFTN MFATWSPSQARLHLQGRTNAWRPQVNDPKQWLQVDLQKTMKVTGIITQGVKSL FTSMFVKEFLISSSQDGHHWTQILYNGKVKVFQGNQDSSTPMMNSLDPPLLTRYL RIHPQIWEHQIALRLEILGCEAQQQY	
FVIII BDD 변이체(미국 특허 7632921, 서열 번호 3)	MQIELSTCFFLCLLRFCFSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPK SFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKEN GPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLF AVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKS VYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLL FCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFD DDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNG PQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASR PYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPR CLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENR SWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWY ILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVL KRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYF IAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPN ETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTL NPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRF HAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYK MALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLG MASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMII HGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIK HNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASS	6

[0155]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	YFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQ GVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPL LTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY	
FVIII BDD-2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT VHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDY DDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLR NRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVT FRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKD EFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQD QRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSK AGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQ DGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALR MEVLGCEAQDLY	7
FVIII BDD-3 (G1648)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT VHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQGEITRTTLQSDQEEIDY DDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLR NRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVT FRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKD EFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQD QRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSK AGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQ DGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALR MEVLGCEAQDLY	8
FVIII BDD-4	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT VHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV	9

[0156]

[0157]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDY GMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIR AEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKV QHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVT VQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMD TLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPG VFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQ ITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQ KFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYI RLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWS PSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMY VKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLY	
FVIII BDD-5	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT VHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK QSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFT DGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEED QRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDV HSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAP CNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMS TLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKE PFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGT LMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLG MESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVD FQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGN QDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY	10
FVIII BDD-6	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK	11

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTD TISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNR AQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFR NQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEF DCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDE TKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQR IRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAG IWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAP KLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMY SLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTL RMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRS NAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGH QWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEV LGCEAQDLY	
FVIII BDD-7	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT VHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYG MSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRA EVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQ HHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTV QEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTL PGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVF ETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQIT ASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKF SSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRL HPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPS KARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVK EFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSW VHQIALRMEVLGCEAQDLY	12
FVIII BDD-8 전구체 (미국 특허 6818439 서열 번호 47)	MQIELSTCFFLCLLRFCFSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPK SFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKEN GPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLF AVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKS VYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLL FCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFD DDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNG PQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASR PYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPR CLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENR SWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWY ILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVL KRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYF IAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPN ETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTL NPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRF	13

[0158]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	HAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYK MALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLG MASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMII HGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIK HNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASS YFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQ GVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPL LTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY	
FVIII BDD-9 성숙(미국 특허 6818439)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDY DDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLR NRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVT FRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKD EFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQD QRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSK AGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQ DGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALR MEVLGCEAQDLY	14
FVIII BDD-10	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQAEITRTTLQSDQEEIDY DDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLR NRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVT FRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKD EFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQD QRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSK AGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQ	15

[0159]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	DGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALR MEVLGCEAQDLY	
FVIII BDD-11	ATRATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLF VEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSY WKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSY LSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETK NSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEV HSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAY VKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKK HPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMA YTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYS RRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDL ASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPA GVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSG YTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVS SCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQAEITRTTLQSDQ EEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSS PHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVED NIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHM APTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFA LFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLV MAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVE MLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQ YGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYI SQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTH YSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARL HLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLIS SSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIA LRMEVLGCEAQDLY	16
FVIII BDD-12	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQAEITRTTLQSDQEEIDY DDTISVEMKKEDFDIFDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLR NRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVT FRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKD EFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQD QRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSK AGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQ DGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALR MEVLGCEAQDLY	17
FVIII BDD-13	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFT DHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKAS EGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHV DLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM	18

[0160]

[0161]

명칭 (소스)	아미노산 서열	서열 번호
	QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFL EGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKT WVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDE TFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLP KGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGL IGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFK HKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDK NTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDY DDTISVEMKKEDFDIFDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLR NRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVT FRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKD EFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQD QRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSK AGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQ DGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALR MEVLGCEAQDLY	

[0162] 본 발명은 또한 응고촉진 활성을 보유하는 표 1의 FVIII 서열에서 이루어진 다양한 아미노산 결실, 삽입 및 치환을 갖는 FVIII을 포함하는 CFXTEN을 고려한다. 폴리펩타이드 서열에서 아미노산에 대한 보존적 치환의 예는 표 2에 기재되어 있다. FVIII의 서열 동일성이 본 명세서에 개시된 특이적 서열과 비교하여 100% 미만인 CFXTEN의 실시형태에서, 본 발명은 인접한 아미노산 잔기를 포함하는 FVIII의 서열 내의 임의의 위치에 있을 수 있는 소정의 FVIII의 소정의 아미노산 잔기에 대한 임의의 다른 19개의 천연 L-아미노산의 치환을 고려한다. 임의의 하나의 치환이 원치 않는 응고촉진 활성 변화를 발생시키는 경우, 대안적인 아미노산 중 하나를 사용할 수 있고, 작제물 단백질을 본 명세서(예를 들면, 표 49의 검정)에 기재된 방법에 의해 또는 예를 들어 미국 특허 제5,364,934호(이의 내용은 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)에 기재된 보존적 및 비보존적 돌연변이에 대한 임의의 기법 및 가이드라인을 이용하여 또는 당해 분야에 일반적으로 공지된 방법을 이용하여 평가한다. 바람직한 치환에서, CFXTEN 실시형태의 FVIII 성분은 R1648 잔기(FVIII의 네이티브 성숙 형태에 대해 넘버링됨)를 글라이신 또는 알라닌으로 대체함으로써 변형되어 이형이합체 형태로의 단백질분해 처리를 방지한다. 다른 치환에서, CFXTEN 실시형태의 FVIII 성분은 Y1680 잔기(FVIII의 네이티브 성숙 형태에 대해 넘버링됨)를 페닐알라닌으로 대체함으로써 변형된다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 실시형태의 FVIII 성분은 Y1680 잔기(FVIII의 네이티브 성숙 형태에 대해 넘버링됨)를 페닐알라닌으로 대체하고 R1648 잔기(FVIII의 네이티브 성숙 형태에 대해 넘버링됨)를 글라이신 또는 알라닌으로 대체함으로써 변형된다.

[0163] 일 실시형태에서, 융합 단백질 조성물의 FVIII은 Lys(377), Lys(466), Lys(380), Ser(488), Arg(489), Arg(490), Leu(491), Lys(493), Lys(496), His(497), Lys(499), Lys(512), Lys(523), Lys(556), Met(2199), Phe(2200), Leu(2252), Val(2223) 및 Lys(2227)에서의 치환(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 표 9의 항체에 의해 인식되는 에피토프에서 FVIII 억제제의 결합을 감소하도록 설계된 하나 이상의 아미노산 치환을 갖는다. 또한, 변이체가 네이티브 펩타이드의 응고촉진 활성의 모두가 아닌 일부를 보유하는 한, 변이체는 예를 들어 하나 이상의 아미노산 잔기가 FVIII의 도메인 또는 전장 네이티브 아미노산 서열의 N 또는 C 말단 또는 그 근처에서 첨가되거나 결실된 폴리펩타이드를 포함할 수 있다. 순환하는 네이티브 FVIII과 비교하여 응고촉진 활성의 적어도 일부(예를 들면, 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80%, 90% 또는 적어도 95% 이상)를 보유하는 생성된 FVIII 서열은 본 발명의 융합 단백질 조성물에 유용한 것으로 생각된다. FVIII 변이체의 예는 미국 특허 및 출원 제6,316,226호; 제6,818,439호; 제7,632,921호; 제20080227691호(본 명세서에 참조문헌으로 포함됨)에 기재된 것을 포함하여 당해 분야에 공지되어 있다. 일 실시형태에서, FVIII 서열 변이체는 75번 아미노산 위치(FVIII의 네이티브 성숙 형태에 대해 넘버링됨)에서 발린에 치환된 아스파르트산을 갖는다.

표 2

예시적인 보존적 아미노산 치환

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

[0164]

[0165] **III). 연장된 재조합 폴리펩타이드**

[0166] 일 양태에서, 본 발명은 FVIII 폴리펩타이드에 결합하고/하거나 이 내에 도입되어 CFXTEN 융합 단백질을 생성하는 융합 단백질 파트너(들)로서 유용한 XTEN 폴리펩타이드 조성물을 제공한다. XTEN은 일반적으로 생리학적 조건 하에 낮은 정도의 2차 또는 3차 구조를 갖거나 갖지 않는 실질적으로 비반복인 비천연 서열을 갖는 폴리펩타이드이다. XTEN은 통상적으로 대부분 또는 전부가 작은 친수성 아미노산인 약 36개 내지 약 3000개의 아미노산을 갖는다. 본 명세서에 사용되는 "XTEN"은 구체적으로 전체 항체 또는 항체 단편(예를 들면, 단쇄 항체 및 Fc 단편)을 배제한다. XTEN 폴리펩타이드는 FVIII 단백질에 연결되어 CFXTEN 융합 단백질을 생성할 때 다양한 역할을 수행하여 특정한 바람직한 약동학적, 물리화학적, 약리학적 및 약제학적 특성을 부여한다는 점에서 융합 단백질 파트너로서의 유용성을 갖는다. 이러한 CFXTEN 융합 단백질 조성물은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 증대된 특성을 가져, 하기 더 완전히 기재된 것처럼 FVIII 결핍 또는 출혈 장애와 관련된 특정한 병증의 치료에서 이들이 유용하게 한다.

[0167] 본 발명의 융합 단백질 조성물을 생성하기 위해 사용되는 FVIII 단백질에 융합되는 XTEN에 대한 선택 기준은 일반적으로, FVIII 융합 단백질 조성물에 증대된 약제학적, 약리학적 및 약동학적 특성을 부여하기 위해 결국 사용되는, XTEN의 물리적/화학적 특성 및 입체구성 구조의 속성에 관한 것이다. XTEN의 비구조화 특성 및 물리적/화학적 특성은 부분적으로 4 내지 6개의 친수성 아미노산으로 불균등하게 제한된 전체 아미노산 조성물, 정량화 가능한 비반복 설계에서의 아미노산의 연결 및 XTEN 폴리펩타이드의 길이로부터 생긴다. XTEN에 일반적이지만 폴리펩타이드에 일반적이지 않은 유리한 특징에서, 본 명세서에 개시된 XTEN의 특성은, 다양한 길이 범위 내에, 유사한 특성(이들 중 대부분은 실시예에 기재됨)을 보유하는 표 4의 예시적인 서열의 다양성에 의해 입증되는 절대 1차 아미노산 서열에 구속되지 않는다. 본 발명의 XTEN은 하기 유리한 특성: 비구조화 입체구성, 입체구성 융통성, 증대된 수성 용해도, 높은 정도의 프로테아제 내성, 낮은 면역원성, 포유동물 수용체에 대한 낮은 결합, 한정된 정도의 전하 및 증가된 유체 역학(또는 스톡스) 반경 중 하나 이상 또는 모두를 나타낼 수 있고; 이 특성은 융합 단백질 파트너로서 이들이 특히 유용하게 만들 수 있다. XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 XTEN에 융합된 FVIII을 포함하는 융합 단백질에 XTEN이 부여하는 증대된 특성의 비제한적인 예는 전체 용해

도 및/또는 대사 안정성 증가, 단백질분해에 대한 감수성 감소, 면역원성 감소, 피하로 또는 근육내로 투여될 때 흡수율 감소, FVIII 청소 수용체에 대한 결합 감소, 항-페이로드 항체에 대한 반응성 감소, 기질과의 상호작용 증대 및/또는 피험체에 투여될 때 약동학적 특성 증대를 포함한다. XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 CFXTEN 조성물의 증대된 약동학적 특성은 더 긴 종료 반감기(예를 들면, 2배, 3배, 4배 이상), 곡선 하 면적(AUC) 증가(예를 들면, 25%, 50%, 100% 이상), 더 낮은 분포 용적 및 피하 또는 근육내 주사 후 흡수 증대(정맥내로 투여되어야 하는 상업적으로 구입 가능한 FVIII 형태와 비교되는 이점)를 포함한다. 또한, 개열 서열(하기 더 완전히 기재됨)을 포함하는 CFXTEN 조성물은 생물학적 활성 FVIII의 지속적인 방출을 허용하여, 투여된 CFXTEN은 데포로서 작용하는 것으로 생각된다. 본 발명의 CFXTEN 융합 단백질이 본 명세서에 개시된 개선된 특성 중 하나 이상 또는 이의 임의의 조합을 나타낼 수 있는 것으로 구체적으로 고려된다. 이 증대된 특성의 결과로서, CFXTEN 조성물이 필적하는 용량으로 투여될 때 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 덜 빈번한 투약을 허용하는 것으로 생각된다. 이러한 CFXTEN 융합 단백질 조성물은 본 명세서에 기재된 특정한 VIII 인자 관련 병증을 치료하는 데 유용성을 갖는다.

[0168] XTEN을 포함하는 CFXTEN 조성물과 같은 단백질의 물리적/화학적 특성을 결정하기 위한 다양한 방법 및 검정이 당해 분야에 공지되어 있다. 이러한 특성은 2차 또는 3차구조, 용해도, 단백질 응집, 안정성, 절대 및 겉보기 분자량, 순도 및 균일성, 용융 특성, 오염 및 함수량을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 이 특성을 평가하는 방법은 분석 원심분리, EPR, HPLC 이온 교환, HPLC 크기 배제, HPLC 역상, 광 산란, 모세관 전기영동, 원편광 2색성, 시차 주사 열량계, 형광, HPLC 이온 교환, HPLC 크기 배제, IR, NMR, 라만 분광법, 굴절법 및 UV/가시광선 분광법을 포함한다. 추가의 방법은 문헌[Arnau, *et al.*, Prot Expr and Purif (2006) 48, 1-13]에 개시되어 있다.

[0169] CFXTEN의 XTEN 성분(들)은 중합체의 연장된 길이에도 불구하고 생리학적 조건 하에 변성된 펩타이드 서열처럼 거동하도록 설계된다. "변성"은 펩타이드 골격의 큰 입체구성 자유도를 특징으로 하는 용액 중의 펩타이드의 상태를 기술한다. 대부분의 펩타이드 및 단백질은 고농도의 변성제의 존재 하에 또는 승온에서 변성된 입체구성을 채택한다. 변성된 입체구성에서의 펩타이드는, 예를 들면 특징적인 원편광 2색성(CD) 스펙트럼을 갖고 NMR에 의해 결정되는 장거리 상호작용 결여를 특징으로 한다. "변성된 입체구성" 및 "비구조화 입체구성"은 본 명세서에서 동의어로 사용된다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명은, 생리학적 조건 하에, 대체로 2차 구조가 없는 XTEN 서열을 제공한다. 다른 경우에, XTEN 서열은 생리학적 조건 하에 2차 구조가 실질적으로 없어서 XTEN은 무작위 코일 입체구성을 채택할 수 있다. 이 문맥에서 사용되는 "대체로 없는"은 XTEN 서열의 XTEN 아미노산 잔기의 적어도 50%가 본 명세서에 기재된 수단에 의해 측정되거나 결정되는 2차 구조에 기여하지 않는다는 것을 의미한다. 이 문맥에서 사용되는 "대체로 없는"은 XTEN 서열의 XTEN 아미노산 잔기의 적어도 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90% 또는 약 95% 또는 적어도 약 99%가 본 명세서에 기재된 방법에 의해 측정되거나 결정되는 2차 구조에 기여하지 않는다는 것을 의미한다.

[0170] 소정의 폴리펩타이드에서 2차 및 3차 구조의 존재 또는 부재를 알아채는 다양한 방법이 당해 분야에서 확립되었다. 특히, "원-UV" 스펙트럼 구역(190-250㎚)에서, 예를 들면 원편광 2색성 분광법에 의해 분광학적으로 2차 구조를 측정할 수 있다. 2차 구조 요소, 예컨대 알파 나선 및 베타 시트는 각각 CD 스펙트럼의 특징적인 형상 및 양을 생성하고, 이 구조 부재의 결여도 그러하다. 미국 특허 출원 공보 제20030228309A1호에 기재된 것처럼 특정한 컴퓨터 프로그램 또는 알고리즘, 예컨대 널리 공지된 챠우-파스만 알고리즘(Chou, P. Y., *et al.* (1974) *Biochemistry*, 13: 222-45) 및 가르니에-오스구토르페-로브슨(Garnier-Osguthorpe-Robson: "GOR") 알고리즘(Garnier J, Gibrat JF, Robson B. (1996), GOR method for predicting protein secondary structure from amino acid sequence. Methods Enzymol 266:540-553)을 통해 폴리펩타이드 서열에 대해 2차 구조를 또한 예측할 수 있다. 소정의 서열의 경우, 알고리즘은, 예를 들면 알파 나선 또는 베타 시트를 형성하는 서열의 잔기의 전체 및/또는 백분율 또는 (2차 구조가 결여된) 무작위 코일 형성을 생성하는 것으로 예측되는 서열의 잔기의 백분율로 표시되는 약간의 2차 구조로 존재하는지 또는 전혀 그렇지 않은지를 예측할 수 있다.

[0171] 일 실시형태에서, 당해 융합 단백질 조성물에서 사용되는 XTEN 서열은 챠우-파스만 알고리즘에 의해 결정되는 0% 내지 약 5% 미만 범위의 알파 나선 백분율을 갖는다. 다른 실시형태에서, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 챠우-파스만 알고리즘에 의해 결정되는 0% 내지 약 5% 미만 범위의 베타 시트 백분율을 갖는다. 몇몇 실시형태에서, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 챠우-파스만 알고리즘에 의해 결정되는 0% 내지 약 5% 미만 범위의 알파 나선 백분율 및 0% 내지 약 5% 미만 범위의 베타 시트 백분율을 갖는다. 몇몇 실시형태에서, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 약 2% 미만의 알파 나선 백분율 및 약 2% 미만의 베타 시트 백분율을 갖는다. 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 GOR 알고리즘에 의해 결정되는 높은 정도의 무작위 코일 백분율을 갖는다. 몇몇 실시형태

에서, XTEN 서열은 GOR 알고리즘에 의해 결정되는 적어도 약 80%, 적어도 약 90%, 적어도 약 91%, 적어도 약 92%, 적어도 약 93%, 적어도 약 94%, 적어도 약 95%, 적어도 약 96%, 적어도 약 97%, 적어도 약 98%, 가장 바람직하게는 적어도 약 99%의 무작위 코일을 갖는다. 몇몇 실시형태에서, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 챠우-파스만 알고리즘에 의해 결정되는 0% 내지 약 5% 미만 범위의 알파 나선 백분율 및 GOR 알고리즘에 의해 결정되는 0% 내지 약 5% 미만 범위 및 적어도 약 90%의 무작위 코일 베타 시트 백분율을 갖는다. 다른 실시형태에서, 융합 단백질 조성물의 XTEN 서열은 약 2% 미만의 알파 나선 백분율 및 약 2% 미만의 베타 시트 백분율 및 GOR 알고리즘에 의해 결정되는 적어도 약 90%의 무작위 코일을 갖는다.

[0172] 1. 비반복 서열

[0173] CFXTEN 실시형태의 XTEN 서열이 실질적으로 비반복인 것으로 고려된다. 일반적으로, 반복 아미노산 서열은 콜라겐 및 류신 지퍼와 같은 천연 반복 서열로 예시되는 더 고차의 구조를 형성하거나 응집하는 경향을 갖는다. 이 반복 아미노산은 또한 접촉을 형성하여 결정질 또는 유사결정질 구조를 생성시키는 경향을 가질 수 있다. 반대로, 응집하는 비반복 서열의 낮은 경향은 서열이 반복인 경우 응집하려 하는 하전된 아미노산의 비교적 낮은 빈도를 갖는 긴 서열 XTEN의 설계가 가능하게 한다. 하나 이상의 하기 특징을 평가함으로써 당해 XTEN의 비반복성이 관찰될 수 있다. 일 실시형태에서, "실질적으로 비반복인" XTEN 서열은 약 36개 또는 적어도 72개 또는 적어도 96개 또는 적어도 144개 또는 적어도 288개 또는 적어도 400개 또는 적어도 500개 또는 적어도 600개 또는 적어도 700개 또는 적어도 800개 또는 적어도 864개 또는 적어도 900개 또는 적어도 1000개 또는 적어도 2000개, 내지 약 3000개 이상의 아미노산 잔기를 갖거나, 약 36개 내지 약 3000개, 약 100개 내지 약 500개, 약 500개 내지 약 1000개, 약 1000개 내지 약 3000개의 아미노산 및 잔기 범위의 길이를 갖고, 아미노산이 세린이 아닌 한(이 경우 3개 이하의 인접 아미노산은 세린 잔기임) 이 서열 중 3개의 인접 아미노산은 동일한 아미노산 유형이 아니다. 다른 실시형태에서, 하기 더 완전히 기재된 것처럼, "실질적으로 비반복인" XTEN 서열은 9개 내지 14개의 아미노산 잔기의 모티프를 포함하고, 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개 유형의 아미노산으로 이루어지고, 임의의 1개의 모티프 중의 임의의 2개의 인접 아미노산 잔기의 서열은 서열 모티프에서 2회 초과로 반복되지 않는다.

[0174] 컴퓨터 프로그램 또는 알고리즘 또는 당해 분야에 공지된 다른 수단에 의해 폴리펩타이드 또는 유전자의 반복성의 정도를 측정할 수 있다. 본 발명에 따라, 특정한 폴리펩타이드, 예컨대 XTEN의 반복성의 정도를 계산하기 위해 이용되는 알고리즘은 본 명세서에 개시되어 있고, 알고리즘에 의해 분석된 서열의 예가 제공된다(하기 실시예 참조). 일 양태에서, 미리 결정된 길이의 폴리펩타이드의 반복성(이하 "하위서열 스코어")을 식 1로 제공된 식에 따라 계산할 수 있다:

[0175] 하위서열 스코어 $\frac{\sum_{i=1}^{m} 카운트_i}{m}$ I

[0176] 식 중, m = (폴리펩타이드의 아미노산 길이) - (하위서열의 아미노산 길이) + 1이고; $카운트_i$ = 서열$_i$ 내의 각각의 독특한 하위서열의 누적 수이다.

[0177] 알고리즘 용어 "SegScore"는 폴리펩타이드, 예컨대 XTEN의 반복성을 정량화하여, 하위서열 스코어를 제공하기 위한 상기 식에 적용하도록 개발되었고, 서열의 미리 결정된 길이 내의 하위서열의 절대 수로 나눈 길이 "s"의 독특한 하위서열이 설정 길이에서 존재하는 횟수("카운트")를 결정함으로써 미리 결정된 아미노산 길이 "n"의 서열을 반복성에 대해 분석한다. 도 27은 SegScore 알고리즘의 논리 흐름도를 도시하고, 도 28은 11개의 아미노산 및 3개의 아미노산 잔기의 하위서열 길이를 갖는 허구의 XTEN에 대해 어떻게 하위서열 스코어가 추론되는지의 도식을 묘사한다. 예를 들면, 200개의 아미노산 잔기의 미리 결정된 폴리펩타이드 길이는 192개의 중첩하는 9개 아미노산 하위서열 및 198개의 3합체 하위서열을 갖지만, 임의의 소정의 폴리펩타이드의 하위서열 스코어는 독특한 하위서열의 절대 수 및 각각의 독특한 하위서열(상이한 아미노산 서열을 의미)이 서열의 미리 결정된 길이에서 얼마나 자주 나타나는지에 따라 달라진다.

[0178] 본 발명의 맥락에서, "하위서열 스코어"는 누적 XTEN 폴리펩타이드의 200개의 연속 아미노산에 걸쳐 각각의 독특한 3합체 프레임의 수의 합에 200개의 아미노산 서열 내의 독특한 3합체 하위서열의 절대 수로 나눈 것을 의미한다. 반복 및 비반복 폴리펩타이드의 200개의 연속 아미노산으로부터 추론된 이러한 하위서열 스코어의 예는 실시예 45에 제시되어 있다. 일 실시형태에서, 본 발명은 XTEN이 12 미만, 더 바람직하게는 10 미만, 더 바람직하게는 9 미만, 더 바람직하게는 8 미만, 더 바람직하게는 7 미만, 더 바람직하게는 6 미만, 가장 바람직하게는 5 미만의 하위서열 스코어를 갖는 1개의 XTEN을 포함하는 CFXTEN을 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은

XTEN의 200개의 아미노산이 10 미만, 더 바람직하게는 9 미만, 더 바람직하게는 8 미만, 더 바람직하게는 7 미만, 더 바람직하게는 6 미만, 가장 바람직하게는 5 미만의 하위서열 스코어를 갖는 적어도 2개 내지 약 6개의 XTEN을 포함하는 CFXTEN을 제공한다. 본 명세서에 기재된 CFXTEN 융합 단백질 조성물의 실시형태에서, 하위서열 스코어가 10 이하(즉, 9, 8, 7 등)인 융합 단백질의 XTEN 성분은 또한 실질적으로 비반복이다.

[0179] 본 발명의 XTEN의 비반복 특징은 절대 1차 서열보다는 XTEN에서 우세한 특정한 유형의 아미노산과 함께 CFXTEN 융합 단백질의 많은 증대된 물리화학적 및 생물학적 특성을 부여하는 것으로 생각된다. 이 증대된 특성은 반복 서열을 갖는 폴리펩타이드를 포함하는 융합 단백질과 비교하여 숙주 세포에서 더 높은 정도의 융합 단백질의 발현, XTEN을 코딩하는 유전자의 더 높은 유전 안정성, 더 높은 정도의 용해도, 더 낮은 응집 경향 및 생성된 CFXTEN의 약동학 증대를 포함한다. 이 특성 증대는 더 효과적인 제조, 더 낮은 제품 비용을 허용하고, 몇몇 경우에는 100㎎/㎖를 초과하는 극도로 높은 단백질 농도를 포함하는 XTEN 함유 약제학적 제제의 제제화를 수월하게 한다. 더욱이, 실시형태의 XTEN 폴리펩타이드 서열은 포유동물에게 투여될 때 면역원성을 감소하거나 실질적으로 제거하기 위해 낮은 정도의 내부 반복성을 갖도록 설계된다. 오직 3개의 아미노산, 예컨대 글라이신, 세린 및 글루타메이트로 대체로 제한된 짧은 반복된 모티프로 이루어진 폴리펩타이드 서열은 이 서열에서 예측된 T 세포 에피토프의 부재하에서도 포유동물에게 투여될 때 비교적 높은 항체 역가를 발생시킬 수 있다. 단백질 응집물, 가교결합된 면역원 및 반복 탄수화물을 포함하는 반복된 에피토프를 갖는 면역원이 고 면역원성이고, 예를 들면 B 세포 수용체의 가교 결합을 발생시켜 B 세포 활성화를 발생시킬 수 있다는 것으로 나타난 것처럼, 이는 폴리펩타이드의 반복 성질에 의해 발생할 수 있다. (Johansson, J., *et al.* (2007) Vaccine, 25 :1676-82; Yankai, Z., *et al.* (2006) Biochem Biophys Res Commun, 345 :1365-71; Hsu, C. T., *et al.* (2000) Cancer Res, 60:3701-5); Bachmann MF, *et al.* Eur J Immunol. (1995) 25(12):3445-3451).

[0180] 2. 예시적인 서열 모티프

[0181] 본 발명은 더 짧은 서열 또는 모티프의 다수의 단위를 포함하는 융합 파트너로서 사용되는 XTEN을 포함하고, 모티프의 아미노산 서열은 비반복이다. XTEN 서열을 형성하도록 다합체화되는 서열 모티프의 라이브러리를 사용하는 "빌딩 블록" 접근법의 사용에도 불구하고 비반복 특성이 충족된다. 따라서, XTEN 서열이 4개의 적은 상이한 유형의 서열 모티프의 다수의 단위로 이루어질 수 있지만, 모티프 그 자체는 일반적으로 비반복 아미노산 서열로 이루어지므로, 전체 XTEN 서열은 서열이 실질적으로 비반복이도록 설계된다.

[0182] 일 실시형태에서, XTEN은 약 36개 내지 약 3000개 또는 약 100개 내지 약 2000개 또는 약 144개 내지 약 1000개 초과의 아미노산 잔기 또는 심지어 더 긴 실질적으로 비반복인 서열을 갖고, XTEN 서열의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 85% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 약 100%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 약 9개 내지 36개의 아미노산 잔기를 갖는다. 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 85% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 약 100%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 9개 내지 14개의 아미노산 잔기를 갖는다. 또 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 85% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 약 100%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 12개의 아미노산 잔기를 갖는다. 이 실시형태에서, 서열 모티프가 실질적으로(예를 들면, 90% 이상) 또는 배타적으로 작은 친수성 아미노산으로 이루어져서, 전체 서열이 비구조화 가요성 특성을 갖는 것이 바람직하다. XTEN에서 포함되는 아미노산의 예는, 예를 들면 아르기닌, 라이신, 트레오닌, 알라닌, 아스파라긴, 글루타민, 아스파르테이트, 글루타메이트, 세린 및 글라이신이다. 시험 변수, 예컨대 코돈 최적화, 서열 모티프를 코딩하는 어셈블리 폴리뉴클레오타이드, 단백질의 발현, 발현된 단백질의 용해도 및 전하 분포 및 2차 및 3차 구조의 결과로서, 본 명세서에 개시된 특성이 증대된 XTEN 조성물은 주로 또는 배타적으로 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P) 잔기를 포함하고, 서열은 실질적으로 비반복이도록 설계된다는 것이 발견되었다. 일 실시형태에서, XTEN 서열은 약 36개 내지 약 3000개 또는 약 100개 내지 약 2000개 또는 약 144개 내지 약 1000개 초과의 길이의 아미노산 잔기인 실질적으로 비반복인 서열로 배열되는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)으로부터 선택된 지배적으로 4개 내지 6개 유형의 아미노산을 갖는다. 몇몇 실시형태에서, XTEN 서열은 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 또는 프롤린(P)으로 이루어진 군으로부터 선택된 4개, 5개 또는 6개 유형의 아미노산으로 제조된다. 몇몇 실시형태에서, XTEN은 약 36개 내지 약 1000개 또는 약 100개 내지 약 2000개 또는 약 400개 내지 약 3000개 초과의 아미노산 잔기의 서열을 갖고, 서열의 적어도 약 80%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 9개 내지 36개의 아미노산 잔기를 갖고, 각각의 모티프의 적어도 90% 또는 적어도 91% 또는 적어도 92% 또는 적어도 93% 또는 적어도 94% 또는 적어도 95% 또는 적어도 96% 또는 적어도 97% 또는 100%는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오

닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개 유형의 아미노산으로 이루어지고, 전장 XTEN에서 임의의 1개의 아미노산 유형의 함량은 30%를 초과하지 않는다. 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 90%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 9개 내지 36개의 아미노산 잔기를 갖고, 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개 유형의 아미노산으로 이루어지고, 전장 XTEN에서 임의의 1개의 아미노산 유형의 함량은 40% 또는 약 30% 또는 25% 또는 약 17%를 초과하지 않는다. 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 90%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개 유형의 아미노산으로 이루어진 12개의 아미노산 잔기를 갖고, 전장 XTEN에서 임의의 1개의 아미노산 유형의 함량은 40% 또는 30% 또는 약 25%를 초과하지 않는다. 또 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%는 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 각각의 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로 이루어진 12개의 아미노산 잔기를 갖는다.

[0183] 또 다른 실시형태에서, XTEN은 약 36개 초과 내지 약 3000개의 아미노산 잔기의 실질적으로 비반복인 서열을 포함하고, 서열의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99%는 9개 내지 14개의 아미노산 잔기의 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개 유형의 아미노산으로 이루어지고, 임의의 1개의 모티프에서 임의의 2개의 인접 아미노산 잔기의 서열은 서열 모티프에서 2회 초과로 반복되지 않는다. 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99%는 12개의 아미노산 잔기의 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개 내지 6개 유형의 아미노산으로 이루어지고, 임의의 1개의 서열 모티프에서 임의의 2개의 인접 아미노산 잔기의 서열은 서열 모티프에서 2회 초과로 반복되지 않는다. 다른 실시형태에서, XTEN 서열의 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99%는 12개의 아미노산 잔기의 비중첩 서열 모티프로 이루어지고, 모티프는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로 이루어지고, 임의의 1개의 서열 모티프에서 임의의 2개의 인접 아미노산 잔기의 서열은 서열 모티프에서 2회 초과로 반복되지 않는다. 또 다른 실시형태에서, XTEN은 12개의 아미노산 서열 모티프로 이루어지고, 아미노산은 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택되고, 임의의 1개의 서열 모티프에서 임의의 2개의 인접 아미노산 잔기의 서열은 서열 모티프에서 2회 초과로 반복되지 않고, 전장 XTEN에서 임의의 1개의 아미노산 유형의 함량은 30%를 초과하지 않는다. 상기 실시형태는 실질적으로 비반복인 XTEN 서열의 예이다. 추가의 예는 하기 기재되어 있다.

[0184] 몇몇 실시형태에서, 본 발명은 약 36개 내지 약 1000개의 아미노산 잔기 또는 누적으로 약 100개 내지 약 3000개의 아미노산 잔기의 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개, 5개, 6개 이상의 비반복 XTEN 서열(들)을 포함하는 CFXTEN 조성물을 제공하고, 서열의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%는 표 3의 아미노산 서열로부터 선택된 4개 이상의 비중첩 서열 모티프의 다수의 단위로 이루어지고, 전체 서열은 실질적으로 비반복으로 남아 있다. 몇몇 실시형태에서, XTEN은 비중첩 서열 모티프를 포함하고, 여기서 서열의 약 80% 또는 적어도 약 85% 또는 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 또는 약 100%는 표 3으로부터 선택된 단일 모티프 패밀리로부터 선택된 비중첩 서열의 다수의 단위로 이루어져 패밀리 서열을 생성한다. 본 명세서에 사용되는 "패밀리"는 XTEN이 표 3으로부터의 단일 모티프 카테고리로부터만 선택된 모티프; 즉, AD, AE, AF, AG, AM, AQ, BC 또는 BD XTEN을 갖고, 패밀리 모티프로부터가 아닌 XTEN에서의 임의의 다른 아미노산이 필요한 특성을 성취하도록, 예컨대 코딩 뉴클레오타이드에 의한 제한 자리의 편입, 개열 서열의 편입을 허용하거나, CFXTEN의 FVIII 응고 인자 성분에 대한 더 우수한 결합을 성취하도록 선택된다는 것을 의미한다. XTEN 패밀리의 몇몇 실시형태에서, XTEN 서열은 AD 모티프 패밀리 또는 AE 모티프 패밀리 또는 AF 모티프 패밀리 또는 AG 모티프 패밀리 또는 AM 모티프 패밀리 또는 AQ 모티프 패밀리 또는 BC 패밀리 또는 BD 패밀리의 비중첩 서열 모티프의 다수의 단위를 포함하고, 생성된 XTEN은 상기 기재된 상동성 범위를 나타낸다. 다른 실시형태에서, XTEN은 표 3의 2개 이상의 모티프 패밀리로부터의 모티프 서열의 다수의 단위를 포함한다. 이 서열은 하기 더 자세히 기재된 것처럼 모티프의 아미노산 조성물에 의해 부여되는 순 전하, 친수화도, 2차 구조 결여 또는 반복성 결여와 같은 특성을 포함하는 원하는

물리적/화학적 특성을 성취하도록 선택될 수 있다. 이 문단에서 상기 기재된 실시형태에서, XTEN에 편입된 모티프는 약 36개 내지 약 3000개의 아미노산 잔기의 XTEN을 성취하기 위해 본 명세서에 기재된 방법을 이용하여 선택되고 어셈블링될 수 있다.

표 3

12 개의 아미노산의 XTEN 서열 모티프 및 모티프 패밀리

모티프 패밀리	모티프 서열	서열 번호
AD	GESPGGSSGSES	19
AD	GSEGSSGPGESS	20
AD	GSSESGSSEGGP	21
AD	GSGGEPSESGSS	22
AE, AM	GSPAGSPTSTEE	23
AE, AM, AQ	GSEPATSGSETP	24
AE, AM, AQ	GTSESATPESGP	25
AE, AM, AQ	GTSTEPSEGSAP	26
AF, AM	GSTSESPSGTAP	27
AF, AM	GTSTPESGSASP	28
AF, AM	GTSPSGESSTAP	29
AF, AM	GSTSSTAESPGP	30
AG, AM	GTPGSGTASSSP	31
AG, AM	GSSTPSGATGSP	32
AG, AM	GSSPSASTGTGP	33
AG, AM	GASPGTSSTGSP	34
AQ	GEPAGSPTSTSE	35
AQ	GTGEPSSTPASE	36
AQ	GSGPSTESAPTE	37
AQ	GSETPSGPSETA	38
AQ	GPSETSTSEPGA	39
AQ	GSPSEPTEGTSA	40
BC	GSGASEPTSTEP	41
BC	GSEPATSGTEPS	42
BC	GTSEPSTSEPGA	43
BC	GTSTEPSEPGSA	44
BD	GSTAGSETSTEA	45
BD	GSETATSGSETA	46
BD	GTSESATSESGA	47
BD	GTSTEASEGSAS	48

● 다양한 순열로 함께 사용될 때 ,"패밀리 서열"을 생성시키는 각각의 모티프 서열을 나타냄

[0185]

[0186] XTEN 패밀리의 몇몇 실시형태에서, XTEN 서열은 AD 모티프 패밀리, AE 모티프 패밀리 또는 AF 모티프 패밀리 또는 AG 모티프 패밀리 또는 AM 모티프 패밀리 또는 AQ 모티프 패밀리 또는 BC 패밀리 또는 BD 패밀리의 비중첩 서열 모티프의 다수의 단위를 포함하고, 생성된 XTEN은 상기 기재된 상동성 범위를 나타낸다. 다른 실시형태에서, XTEN은 하기 더 자세히 기재된 것처럼 모티프의 아미노산 조성물에 의해 부여되는 순 전하, 2차 구조 결여 또는 반복성 결여와 같은 특성을 포함하는 원하는 물리화학적 특성을 성취하도록 선택된 표 3의 2개 이상의 모티프 패밀리로부터의 모티프 서열의 다수의 단위를 포함한다. 이 문단에서 상기 기재된 실시형태에서, XTEN으로 편입된 모티프 또는 모티프의 일부가 선택되고 본 명세서에 기재된 방법을 이용하여 어셈블링되어 약 36개, 약 42개, 약 72개, 약 144개, 약 288개, 약 576개, 약 864개, 약 1000개, 약 2000개 내지 약 3000개의 아미노산 잔기 또는 임의의 중간 길이의 XTEN을 성취할 수 있다. 당해 CFXTEN으로 편입하기에 유용한 XTEN 패밀리 서열의 비제한적인 예는 표 4에 제시되어 있다. 표 4와 관련하여 언급된 특정한 서열이 표 4에 기재된 서열을 갖는 것으로 의도되고, AE144 서열을 일반적으로 참조하여, 예를 들면 144개의 아미노산 잔기를 갖는 임의의 AE 서열; 예를 들면, AE144_1A, AE144_2A 등을 포함하도록 의도되거나, AG144 서열을 일반적으로 참조하여, 예를 들면 144개의 아미노산 잔기를 갖는 임의의 AG 서열, 예를 들면 AG144_1, AG144_2, AG144_A, AG144_B, AG144_C 등을

포함하도록 의도된다.

표 4

XTEN 폴리펩타이드

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AE42	GAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPASS	49
AE42_1	TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS	50
AE42_2	PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSG	51
AE42_3	SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP	52
AG42_1	GAPSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGPSGP	53
AG42_2	GPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASP	54
AG42_3	SPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA	55
AG42_4	SASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG	56
AE48	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGS	57
AM48	MAEPAGSPTSTEEGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS	58
AE144	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAP	59
AE144_1A	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPG	60
AE144_2A	TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPG	61
AE144_2B	TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPG	62
AE144_3A	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	63
AE144_3B	SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	64
AE144_4A	TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPG	65
AE144_4B	TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPG	66
AE144_5A	TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAG SPTSTEEGSPAGSPTSTEEG	67
AE144_6B	TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSE PATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPG	68
AF144	GTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGS TSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPS GESSTAPGTSPSGESSTAP	69
AG144_1	SGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSA STGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAST GTGPGSSPSASTGTGPGASP	70
AG144_2	PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS	71
AG144_A	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	72
AG144_B	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	73
AG144_C	GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPG TPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSS	74

[0187]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	TPSGATGSPGASPGTSSTGSP	
AG144_F	GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGASPGTSSTGSP	75
AG144_3	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	76
AG144_4	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSP	77
AE288_1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	78
AE288_2	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	79
AG288_1	PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSS PSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS	80
AG288_2	GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP	81
AF504	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SXPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSXPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPS GATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSP	82
AF540	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGT STPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPS GESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPS GTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESP GPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGT STPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSE SPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGE SSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP	83
AD576	GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPG SSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSS ESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGSGG EPSESGSSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGESPGG SSGSESGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGESPGGSS GSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGSSESGSSEG GPGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGG PGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSS GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSG SSESGSSEGGPGSEGSSGPGESS	84
AE576	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSE	85

[0188]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAP	
AF576	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGT STPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPS GESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPS GTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESP GPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGT STPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSE SPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGE SSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGS ASPGTSTPESGSASP	86
AG576	PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGT GPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGS	87
AE624	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAP	88
AD836	GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESG ESPGGSSGSESGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGES PGGSSGSESGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSES GSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGG SSGSESGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSGGEPSES GESSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSGGEPSES GSSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGESPGGSSGS ESGSEGSSGPGESSGSEGSSGPGESSGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGP GESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGSSES GSSEGGPGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSEGSSGPGESSGSEGSSGPGESSGSGGEP SESGSSGSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSSGSEGSSGP GESSGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSGGEPSES GSSGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSS	
AE864	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT	90

[0189]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	
AF864	GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGT STPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGTSPS GESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTA ESPGPGTSTPESGSASPGSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGS ASPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPG PGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPG STSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGPXXXGAS ASGAPSTXXXXSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSES PSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAE SPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESST APGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP GSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGT SPSGESSTAPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSS TAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSP	91
AG864_2	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPS GATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPS ASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTS STGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSST GSP	92
AM875	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGS TSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGA SASGAPSTGGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGSTSE SPSGTAPGTSPSGESSTAPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSEPATS GSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESS TAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSAS PGSTSESPSGTAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSS TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAP	93
AE912	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS	94

[0190]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	EPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	
AM923	MAEPAGSPTSTEEGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGS TSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST EEGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGASASGAPSTGGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGTSP SGESSTAPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSEPATSG SETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGT APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGS SPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	95
AM1318	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGS TSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGP EPTGPAPSGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSTSST AESPGPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGES STAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSPSGESSTAP GTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGS SPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGAS PGTSSTGSPGASASGAPSTGGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSS TGSPGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGS STPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTS STAESPGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAP	96
BC 864	GTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGS EPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGTST EPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEPAT SGTEPSGSEPATSGTEPSGTSEPSTSEPGAGSGASEPTSTEPGTSEPSTSEPGAGSEPATSG TEPSGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSGASEPTSTEPGSEPATSGTE PSGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPS GSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGS GASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTST EPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEP SEPGSAGSEPATSGTEPSGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSE PGSAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGTSEPSTSEPGAGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPG SAGTSTEPSEPGSAGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGSEPATSGTEPS GSEPATSGTEPSGSEPATSGTEPSGTSEPSTSEPGAGSEPATSGTEPSGS GASEPTSTEPGTSTEPSEPGSAGSEPATSGTEPSGSGASEPTSTEPGTSTEPSEPGSA	97
BD864	GSETATSGSETAGTSESATSESGAGSTAGSETSTEAGTSESATSESGAGSETATSGSETA GSETATSGSETAGTSTEASEGSASGTSTEASEGSASGTSESATSESGAGSETATSGSETA	98

[0191]

[0192]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	GTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETA GTSESATSESGAGTSTEASEGSASGSETATSGSETAGSETATSGSETAGTSTEASEGSAS GSTAGSETSTEAGTSESATSESGAGTSTEASEGSASGSETATSGSETAGSTAGSETSTEA GSTAGSETSTEAGSETATSGSETAGTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETA GTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGSETATSGSETAGTSTEASEGSAS GSTAGSETSTEAGSETATSGSETAGTSESATSESGAGSTAGSETSTEAGSTAGSETSTEA GSTAGSETSTEAGTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGSTAGSETSTEAGTSTEASEGSAS GSTAGSETSTEAGSETATSGSETAGTSTEASEGSASGTSESATSESGAGSETATSGSETA GTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGTSESATSESGAGSETATSGSETA GTSTEASEGSASGTSTEASEGSASGSTAGSETSTEAGSTAGSETSTEAGSETATSGSETA GTSESATSESGAGTSESATSESGAGSETATSGSETAGSETATSGSETAGSETATSGSETA GTSTEASEGSASGTSESATSESGAGSETATSGSETAGSETATSGSETAGTSESATSESGA GTSESATSESGAGSETATSGSETA	
AE948	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSG SETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGTSESATPESGP	99
AE1044	GSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTST	100
AE1140	GSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEP	101

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	ATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPA	
AE1236	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEP	102
AE1332	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTST	103
AE1428	GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPA	104
AE1524	GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE	105

[0193]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEP ATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPA	
AE1620	GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST	106
AE1716	GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSE	107
AE1812	GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA	108

[0194]

[0195]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	TPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEP	
AE1908	GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEP	109
AE2004A	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGS PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSE SATPESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSE	110
AG948	GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG TPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPG TSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTAS SSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPG SSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSS PSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	111
AG1044	GTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG TPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPG SGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSP	112

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPG TPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSAS TGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGT GPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSST	
AG1140	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG SSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPS ASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSG ATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGA TGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG TPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPG SGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSAST GTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSST	113
AG1236	GSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG ASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTP GSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPS ASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSA STGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGA TGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG SSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSP SASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPG TSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGT ASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASP	114
AG1332	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG SSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSS TPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSA STGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATG SPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPG TPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTS STGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATG SPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPG TPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATG SPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGP GSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPG	115

[0196]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AG1428	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTPGSGS TPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSAS TGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTA SSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGT GPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSP GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPG SSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGA SPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGS GTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSG ATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSAST GTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASP	116
AG1524	GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTP GSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGS GTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGTA SSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPS ASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSG TASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGAT GSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPG	117
AG1620	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG ASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTP SGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGT SSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAST GTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGT GPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGS PGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPS ASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSA STGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSAST GTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSST	118
AG1716	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS PSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPG SGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPS GATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGT ASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGP GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG	119

[0197]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	TPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTP GSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGS GTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSAST GTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTG SPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPG	
AG1812	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSG TASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGT ASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSG TASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASP	120
AG1908	GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSP SASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSAS TGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAST GTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSS TPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPS GATGSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSAST GTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSP	121
AG2004 A	GSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG SPGTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASP	122

[0198]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AE72B	SPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG	123
AE72C	TSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	124
AE108A	TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTS	125
AE108B	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	126
AE144A	STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGS	127
AE144B	SEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG	128
AE180A	TSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATS	129
AE216A	PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	130
AE252A	ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE	131
AE288A	TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA	132
AE324A	PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATS	133
AE360A	PESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	134
AE396A	PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPS	135
AE432A	EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPS	136
AE468A	EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATS	137

[0199]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESAT PESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	
AE504A	EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGS ETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPS	138
AE540A	TPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP	139
AE576A	TPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP	140
AE612A	GSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAG SPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPG SPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	141
AE648A	PESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESAT	142
AE684A	EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEG PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSP	143

[0200]

[0201]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	TSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATS	
AE720A	TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTE	144
AE756A	TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES	145
AE792A	EGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSES	146
AE828A	PESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESAT	147
AG72A	GPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS	148

[0202]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AG72B	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG TPGSGTASSSP	149
AG72C	SPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGA	150
AG108A	SASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASP	151
AG108B	PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS	152
AG144A	PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS	153
AG144B	PSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPS ASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGASP	154
AG180A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGS	155
AG216A	TGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG SPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSG	156
AG252A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS PGASPG	157
AG288A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS	158
AG324A	TSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPG TPGSGTASSSPGSSTP	159
AG360A	TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGT GPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTG PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP GSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPG	160
AG396A	GATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGT ASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG SPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGT	161
AG432A	GATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSS TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTP S	162
AG468A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS	163

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPG	
AG504A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGS GTASSSPGSSTP	164
AG540A	TSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGA SPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSA STGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPG	165
AG576A	TSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSAS TGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGA TGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGSSTPSGATGSPGASPG	166
AG612A	STGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTS	167
AG648A	GTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTG SPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPS ASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTS STGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTP	168
AG684A	TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTA SSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP	169

[0203]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSA STGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAST GTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATG SPGASPG	
AG720A	TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTG TGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPG	170
AG756A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAST GTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGASPG	171
AG792A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAST GTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPG	172
AG828A	TSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAST GTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPG	173

[0204]

XTEN 명칭	아미노산 서열	서열 번호
AG288_DE	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTP PSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPS ASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	1699

[0205]

[0206] 다른 실시형태에서, CFXTEN 조성물은 약 36개 내지 약 3000개의 아미노산 잔기 범위의 길이의 하나 이상의 비반복 XTEN 서열을 포함하고, 서열의 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%는 패밀리 서열로서 또는 모티프의 2종 이상의 패밀리로부터 선택된 모티프로서 표 13 내지 표 17의 하나 이상의 폴리펩타이드 서열로부터 선택된 비중첩하는 36개의 아미노산 서열 모티프로 이루어진다.

[0207] CFXTEN 융합 단백질의 XTEN 성분이 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 4개, 5개 또는 6개 유형의 아미노산으로 이루어진 이의 아미노산의 100% 미만, 또는 표 3으로부터의 서열 모티프 또는 표 4 및 표 13 내지 표 17의 XTEN 서열로 이루어진 서열의 100% 미만을 갖는 실시형

태에서, XTEN의 다른 아미노산 잔기는 임의의 다른 14개의 천연 L-아미노산으로부터 선택되지만, 우선적으로 친수성 아미노산으로부터 선택되어서, XTEN 서열은 적어도 약 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99%의 친수성 아미노산을 포함한다. 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)이 아닌 XTEN 아미노산은 XTEN 서열에 걸쳐 배치되거나, 서열 모티프 내에 또는 사이에 배치되거나, 예를 들면 XTEN 서열의 하나 이상의 짧은 스트레치에 농축되어, XTEN과 FVIII 성분 사이에 링커를 생성한다. CFXTEN의 XTEN 성분이 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P) 이외의 아미노산을 포함하는 경우, 아미노산의 약 2% 미만 또는 약 1% 미만이 소수성 잔기이어서, 생성된 서열이 본 명세서에 개시된 방법에 의해 결정되는, 예를 들면 2% 초과의 알파 나선 또는 2% 초과의 베타 시트를 갖지 않는 2차 구조가 일반적으로 결여되는 것이 바람직하다. XTEN의 작제에서 덜 양호한 소수성 잔기는 트리토판, 페닐알라닌, 티로신, 류신, 아이소류신, 발린 및 메티오닌을 포함한다. 추가로, 하기 아미노산 중 5% 미만 또는 4% 미만 또는 3% 미만 또는 2% 미만 또는 1% 미만을 포함하거나 포함하지 않도록 XTEN 서열을 설계할 수 있다: 시스테인(다이설파이드 형성 및 산화를 회피하기 위해), 메티오닌(산화를 회피하기 위해), 아스파라긴 및 글루타민(탈아미드화를 회피하기 위해). 따라서, 몇몇 실시형태에서, 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P) 이외의 다른 아미노산을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질의 XTEN 성분은 챠우-파스만 알고리즘에 의해 측정할 때 알파 나선 및 베타 시트에 기여하는 5% 미만의 잔기를 갖는 서열을 갖고, GOR 알고리즘에 의해 측정할 때 적어도 90% 또는 적어도 약 95% 이상의 무작위 코일 형성을 갖는다.

[0208] 3. 서열의 길이

[0209] 다른 양태에서, 본 발명은 CFXTEN 조성물에 편입하기 위한 다양한 길이의 XTEN을 제공하고, XTEN 서열(들)의 길이는 융합 단백질에서 성취되는 특성 또는 작용에 기초하여 선택된다. 의도되는 특성 또는 기능에 따라, CFXTEN 조성물은 FVIII 서열의 내부에 또는 FVIII 도메인 사이에 위치한 짧은 또는 중간 길이 XTEN 및/또는 본 명세서에 기재된 융합 단백질에 위치한 담체로서 작용할 수 있는 더 긴 XTEN 서열을 포함한다. 제한되고자 의도됨이 없이, XTEN 또는 XTEN의 단편은 약 6개 내지 약 99개의 아미노산 잔기의 짧은 분절, 약 100개 내지 약 399개의 아미노산 잔기의 중간 길이 및 약 400개 내지 약 1000개의 더 긴 길이 및 약 3000개 이하의 길이의 아미노산 잔기를 포함한다. 따라서, 당해 CFXTEN로 편입하기 위한 XTEN은 약 6개 또는 약 12개 또는 약 36개 또는 약 40개 또는 약 42개 또는 약 72개 또는 약 96개 또는 약 144개 또는 약 288개 또는 약 400개 또는 약 500개 또는 약 576개 또는 약 600개 또는 약 700개 또는 약 800개 또는 약 864개 또는 약 900개 또는 약 1000개 또는 약 1500개 또는 약 2000개 또는 약 2500개 또는 약 3000개 이하의 길이의 아미노산 잔기를 갖는 XTEN 또는 XTEN의 단편을 포함한다. 대안적으로, XTEN 서열은 약 6개 내지 약 50개, 약 50개 내지 약 100개, 약 100개 내지 150개, 약 150개 내지 250개, 약 250개 내지 400개, 약 400개 내지 약 500개, 약 500개 내지 약 900개, 약 900개 내지 1500개, 약 1500개 내지 2000개 또는 약 2000개 내지 약 3000개의 길이의 아미노산 잔기일 수 있다. 당해 CFXTEN로 편입하기 위한 XTEN의 정확한 길이는 CFXTEN 조성물의 활성에 부정적으로 영향을 미치는 일 없이 변할 수 있다. 일 실시형태에서, 본 명세서에 개시된 CFXTEN에서 사용되는 하나 이상의 XTEN은 36개의 아미노산, 42개의 아미노산, 144개의 아미노산, 288개의 아미노산, 576개의 아미노산 또는 864개 길이의 아미노산을 갖고, XTEN 패밀리 서열; 즉, AD, AE, AF, AG, AM, AQ, BC 또는 BD 중 하나로부터 선택될 수 있다. 다른 실시형태에서, 본 명세서에 개시된 CFXTEN에서 사용되는 2개 이상의 XTEN은 36개의 아미노산, 42개의 아미노산, 144개의 아미노산, 288개의 아미노산, 576개의 아미노산 또는 864개의 길이의 아미노산을 갖고, XTEN 패밀리 서열; 즉, AD, AE, AF, AG, AM, AQ, BC 또는 BD 중 2개로부터 선택될 수 있고, AE 및 AG 패밀리 서열의 조합이 바람직하다. 몇몇 실시형태에서, 본 명세서에서 사용되는 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN은 표 4에서의 서열 중 임의의 하나로부터 선택된 XTEN을 포함하고, 이 서열은 직접적으로 또는 본 명세서에 개시된 스페이서 서열을 통해 FVIII 성분에 연결될 수 있다.

[0210] XTEN이 가요성 링커로서 작용하거나 FVIII 서열의 외부 루프 또는 무질서 구역에 삽입되어 이 구역의 벌크, 융통성 또는 친수화도를 증가시키거나 약동학적 특성을 증대시키도록 FVIII에 대한 청소 수용체를 방해하거나 FVIII 억제제 또는 다른 항-FVIII 항체의 결합을 방해하도록 설계된, 또는 짧은 또는 중간 길이의 XTEN이 조직 침투를 수월하게 하거나 CFXTEN 융합 단백질과 이의 표적과의 상호작용의 강도를 변화시키도록 사용되는, 또는 FVIII 서열 내의 다수의 위치에서 짧은 또는 중간 길이의 분절의 XTEN의 누적 길이를 분포시키는 것이 바람직한 특정한 CFXTEN 구성 설계에서, 본 발명은 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 이상의 짧은 또는 중간체 XTEN 서열이 하나 이상의 FVIII 도메인 사이에 또는 내에 또는 외부 루프 내에 또는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9에서 확인된 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 삽입 부위에서의 또는 이와 근접한 위치(이들로 제한되지는 않음)와 같은 FVIII 서열에서의 다른 자리에서 삽입된 CFXTEN 조성물을 고려한다. 상기의 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 XTEN 분절이 동일하거나 상이할 수 있고, CFXTEN이 본 명세서에 개시된 검정 중 하나에 의해 평가될 때 네이티

브 FVIII의 응고촉진 활성의 적어도 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70% 이상을 보유하는 다수의 XTEN 분절, 예를 들면 적어도 2개 또는 적어도 3개 또는 적어도 4개 또는 적어도 5개 이상의 XTEN 분절을 포함한다. XTEN이 융합 단백질의 벌크를 증가시키거나 CFXTEN 융합 단백질과 이의 표적과의 상호작용의 강도를 변화시키는 담체로서 작용하거나 융합 단백질의 약동학적 특성을 증대시키는 다른 특정한 CFXTEN 구성 설계에서, 본 발명은 하나 이상의 중간 길이 또는 더 긴 길이의 XTEN 서열이 C 말단에서, 하나 이상의 FVIII 도메인 사이의 또는 내의 B 도메인(또는 BDD 서열의 잔여) 내에, 외부 루프 내에 또는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9에서 확인된 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 삽입 부위(이들로 제한되지는 않음)와 같은 FVIII 서열에서의 다른 자리에서 삽입된 CFXTEN 조성물을 고려한다. 그러나, CFXTEN 조성물로의 짧은 길이 내지 중간 길이의 다수의 XTEN의 편입이 더 적은 그러나 더 긴 길이의 XTEN에서 동일한 수의 아미노산을 갖는 CFXTEN 융합 단백질과 비교하여 융합 단백질에 증대된 특성을 부여하고, 여전히 응고촉진 활성 및 연장된 반감기를 갖는 조성물을 생성시키는 것으로 생각되고; 이의 이유는 다수의 XTEN의 추론된 반경과 관련하여 본 명세서에 기재되어 있다.

[0211] CFXTEN 융합 단백질이 다수의 XTEN 서열을 포함하는 실시형태에서, XTEN 서열에서의 전체 잔기의 누적 길이는 약 100개 내지 약 3000개 또는 약 200개 내지 약 2000개 또는 약 400개 내지 약 1000개의 아미노산 잔기보다 크고, XTEN은 서열, 순 전하 또는 길이가 동일하거나 상이할 수 있다. 다수의 XTEN을 포함하는 CFXTEN의 일 실시형태에서, 개별 XTEN 서열은 각각 필적하는 길이의 서열과, 최적으로 정렬될 때, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17로부터 선택된 모티프 또는 XTEN 또는 이의 단편과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 나타낸다.

[0212] 하기 더 완전히 기재된 것처럼, 표적 반감기, 응고촉진 활성의 보유, FVIII 억제제에 대한 결합 감소 또는 CFXTEN 융합 단백질의 물리화학적 특성(예를 들면, 안정성 또는 용해도) 증대를 부여하기 위해 XTEN의 길이 및 CFXTEN 내로의 이의 도입 자리를 선택함으로써 CFXTEN이 설계되고, 코딩 작제물이 생성되고 발현되고, 재조합 CFXTEN 융합 단백질이 단리되고 회수되는 방법이 개시되어 있다. 일반적으로, CFXTEN 조성물로 도입된 약 400개보다 긴 잔기의 XTEN 누적 길이는 더 짧은 누적 길이, 예를 들면 약 280개보다 짧은 잔기와 비교하여 더 긴 반감기를 발생시킨다. 일 실시형태에서, 적어도 약 400개 또는 적어도 약 600개 또는 적어도 약 800개 또는 적어도 약 900개 또는 적어도 약 1000개 이상의 아미노산의 긴 서열 길이를 갖는 담체로서 적어도 단일 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질 설계가 고려된다. 다른 실시형태에서, 다수의 XTEN은 적어도 약 400개 또는 적어도 약 600개 또는 적어도 약 800개 또는 적어도 약 900개 또는 적어도 약 1000개 이상의 아미노산의 누적 길이를 성취하도록 융합 단백질로 편입되고, XTEN은 서열 또는 길이가 동일하거나 상이할 수 있다. 본 명세서에 사용되는 "누적 길이"는 1개 초과의 XTEN이 CFXTEN 융합 단백질에 편입될 때 아미노산 잔기에서 전체 길이를 포함하도록 의도된다. 상기 실시형태 둘 다는 더 짧은 누적 XTEN 길이를 포함하는 CFXTEN과 비교하여 피험체에게 투여 후 생체이용률 가능성 증가 및/또는 종료 반감기 증가를 부여하지만, 응고촉진 활성 및 지혈 효과를 발생시키도록 설계된다. 피하로 또는 근육내로 투여될 때, XTEN에 연결되지 않은 FVIII 또는 더 짧은 누적 길이 XTEN을 갖는 필적하는 용량의 CFXTEN과 비교하여 C_{max}는 감소하지만 곡선 하 면적(AUC)은 증가하여, 하기 더 완전히 기재된 것처럼, 더 긴 기간 동안 CFXTEN 조성물의 효과적인 수준을 유지시키는 능력에 기여하고 2일, 4일, 7일, 10일, 14일 또는 21일의 기간 증가를 허용한다. 따라서, XTEN은 본 명세서에 기재된 다른 물리화학적 특성 이외에 투여된 CFXTEN에 데포의 특성을 부여한다.

[0213] XTEN을 담체로서 사용할 때, 본 발명은 비반복 비구조화 폴리펩타이드의 길이 증가가 XTEN의 비구조화 성질을 증대시키고 상응하게 XTEN 담체를 포함하는 융합 단백질의 물리적/화학적 및 약동학적 특성을 증대시킨다는 발견의 이점을 취한다. 실시예에 더 완전히 기재된 것처럼, XTEN의 길이의 비례 증가는, 단일 패밀리 서열 모티프의 반복 순서(예를 들면, 표 3의 4개의 AE 모티프)에 의해 생성되더라도, 더 짧은 XTEN 길이와 비교하여 GOR 알고리즘에 의해 결정되는 더 높은 백분율(예를 들면, 90% 이상)의 무작위 코일 형성 또는 챠우-파스만 알고리즘에 의해 결정되는 감소된 함량의 알파 나선 또는 베타 시트(예를 들면, 2% 미만)를 갖는 서열을 생성시킨다. 또한, 실시예에 기재된 비구조화 폴리펩타이드 융합 파트너의 길이 증가는 더 짧은 서열 길이를 갖는 비구조화 폴리펩타이드 파트너를 갖는 융합 단백질과 비교하여 불균등한 종료 반감기 증가(예를 들면, 50, 100, 200시간 이상)를 갖는 융합 단백질을 생성시킨다. XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 CFXTEN의 약동학적 특성 증대는 하기 더 완전히 기재되어 있다.

[0214] 다른 양태에서, 본 발명은 더 긴 "공여체" XTEN 서열로부터 짧은 길이 또는 중간 길이의 XTEN을 생성하는 방법을 제공하고, 더 긴 공여체 XTEN 서열은 N 말단 또는 C 말단에서 절두되거나, 단편은 공여체 서열의 내부로부터 생성되어, 짧은 길이 또는 중간 길이의 XTEN을 생성시킨다. 도 16a 내지 도 16c에 도식적으로 도시된 비제한적

인 예에서, 864개의 아미노산 잔기의 AG 서열은 절두되어 144개의 잔기를 갖는 AG 서열, 288개의 잔기를 갖는 AG 서열, 576개의 잔기를 갖는 AG 서열 또는 다른 중간 길이를 생성시키고, (도 16d, 도 16e에 도시된) 864개의 잔기의 AE 서열은 절두되어 144개의 잔기를 갖는 다수의 AE 서열, 288개 또는 576개의 잔기를 갖는 AE 서열 또는 다른 더 짧은 길이 또는 중간 길이를 생성할 수 있다. 이러한 접근법이 원하는 길이의 XTEN을 생성하도록 본 명세서에 기재된 임의의 XTEN 실시형태 또는 표 4 또는 표 13 내지 표 17에 표시된 임의의 서열과 함께 이용될 수 있는 것으로 구체적으로 고려된다. 바람직한 실시형태에서, 다수의 XTEN을 포함하는 CFXTEN은 AE42_1, AE42_2, AE42_3, AG42_1, AG42_2, AG42_3, AG42_4, AE144_1A, AE144_2A, AE144_2B, AE144_3A, AE144_3B, AE144_4A, AE144_4B, AE144_5A, AE144_6B, AG144_1, AG144_2, AG144_A, AG144_B, AG144_C, AG144_F, AG144_3, AG144_4, AE288_1, AE288_2, AG288_1, AG288_2 및 AG288_DE로부터 선택된 서열에 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 91% 또는 적어도 약 92% 또는 적어도 약 93% 또는 적어도 약 94% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 나타내는 XTEN을 갖는다.

[0215] 4. 순 전하

[0216] 다른 실시형태에서, XTEN 폴리펩타이드의 비구조화 특성은 순 전하를 갖는 아미노산 잔기의 편입 및/또는 XTEN 서열에서 소수성 아미노산의 전체 백분율의 감소(예를 들면, 5% 또는 4% 또는 3% 또는 2% 또는 1% 미만)에 의해 증대될 수 있다. 반대 전하를 갖는 잔기에 의해 취소되는 잔기를 넘는 하전된 상태에 기여하는, 양이던 음이던 XTEN 서열에서 하전된 아미노산의 함량을 변경함으로써 전체 순 전하 및 순 전하 밀도는 제어되고, 순 전하는 폴리펩타이드에서 아미노산의 백분율로 통상적으로 표시된다. 몇몇 실시형태에서, 조성물의 XTEN의 순 전하 밀도는 +0.1 초과 또는 -0.1 미만의 전하/잔기일 수 있다. 본 명세서에서 단백질 또는 펩타이드의 "순 전하 밀도"는 순 전하를 단백질 또는 프로펩타이드에서의 아미노산의 전체 수로 나눈 것을 의미한다. 다른 실시형태에서, XTEN의 순 전하는 약 0%, 약 1%, 약 2%, 약 3%, 약 4%, 약 5%, 약 6%, 약 7%, 약 8%, 약 9%, 약 10%, 약 11%, 약 12%, 약 13%, 약 14%, 약 15%, 약 16%, 약 17%, 약 18%, 약 19% 또는 약 20% 이상일 수 있다. 순 전하에 기초하여, 일부 XTEN은 등전점(pI)이 1.0, 1.5, 2.0, 2.5, 3.0, 3.5, 4.0, 4.5, 5.0, 5.5, 6.0 또는 심지어 6.5이다. 바람직한 실시형태에서, XTEN은 생리학적 조건 하에 등전점이 1.5 내지 4.5이고 순 음 전하를 보유한다.

[0217] 인간 또는 동물에서의 대부분의 조직 및 표면이 순 음전하를 가지므로, 몇몇 실시형태에서 XTEN 서열은 순 음전하를 갖도록 설계되어 XTEN 함유 조성물과 다양한 표면, 예컨대 혈관, 건강한 조직 또는 다양한 수용체 사이의 비특이적 상호작용을 최소화한다. 특정 이론에 구속되고자 함이 없이, XTEN은 개별적으로 순 음전하를 보유하고 XTEN 폴리펩타이드의 서열에 걸쳐 분포된 XTEN 폴리펩타이드의 개별 아미노산 사이의 정전기 반발로 인해 개방 입체구성을 채택할 수 있다. 몇몇 실시형태에서, XTEN 서열은 세린, 알라닌, 트레오닌, 프롤린 또는 글라이신과 같은 다른 잔기에 의해 분리된 하전된 잔기의 적어도 90% 또는 95%를 갖도록 설계되고, 이는 더 균일한 전하 분포, 더 우수한 발현 또는 정제 거동을 발생시킨다. XTEN의 연장된 서열 길이에서의 순 음전하의 이러한 분포는 비구조화 입체구성을 발생시키고, 결국 유체 역학 반경을 효과적으로 증가시킬 수 있다. 바람직한 실시형태에서, 글루탐산 잔기의 편입에 의해 당해 XTEN의 음전하가 부여된다. 일반적으로, 글루탐산 잔기는 XTEN 서열에 걸쳐 균일하게 이격된다. 몇몇 경우에, XTEN은 XTEN의 20kDa당 약 10 내지 80개 또는 약 15-60개 또는 약 20 내지 50개의 글루탐산 잔기를 포함할 수 있고, 매우 유사한 pKa를 갖는 하전된 잔기를 갖는 XTEN을 생성시킬 수 있어서, 생성물의 전하 균일성을 증가시키고 이의 등전점을 날카롭게 하고, 생성된 CFXTEN 융합 단백질의 물리화학적 특성을 증대시키고, 따라서 정제 절차를 단순화한다. 예를 들면, 음전하를 갖는 XTEN이 바람직한 경우, XTEN은 도입된 글루탐산으로 인해 대략 17%의 순 전하를 갖는 AE 패밀리 서열로부터만 선택될 수 있거나, 표 3의 글루탐산 함유 모티프를 다양한 비율로 포함하여 원하는 정도의 순 전하를 제공할 수 있다. AE XTEN의 비제한적인 예는 표 4 및 표 14의 36개, 42개, 144개, 288개, 576개, 624개, 864개 및 912개의 AE 패밀리 서열 또는 이의 단편을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 일 실시형태에서, 표 4 또는 표 13 내지 표 17의 XTEN 서열은 원하는 순 음전하를 성취하기 위해 추가의 글루탐산 잔기를 포함하도록 변형될 수 있다. 따라서, 일 실시형태에서 본 발명은 XTEN 서열이 약 1%, 2%, 4%, 8%, 10%, 15%, 17%, 20%, 25% 또는 심지어 약 30%의 글루탐산을 포함하는 XTEN을 제공한다. 일 실시형태에서, 본 발명은 순 음전하를 성취하기 위해 XTEN으로 글루탐산 이외의 5% 이하의 아스파르트산 잔기의 편입을 고려한다.

[0218] 다른 실시형태에서, 순 전하가 바람직하지 않은 경우, XTEN은, 예를 들면 표 3의 AG 모티프 또는 순 전하를 갖지 않는 표 3의 AM 모티프와 같은 AG XTEN 성분으로부터 선택될 수 있다. AG XTEN의 비제한적인 예는 표 4 및 표 16의 36개, 42개, 144개, 288개, 576개 및 864개의 AG 패밀리 서열 또는 이의 단편을 포함하지만, 이들로 제

한되지는 않는다. 다른 실시형태에서, XTEN은 소정의 용도에 최적으로 생각되는 순 전하를 갖도록 또는 소정의 물리화학적 특성을 유지하도록 다양한 비율의 AE 및 AG 모티프를 포함할 수 있다.

[0219] 특정 이론에 구속되고자 함이 없이, 더 높은 순 전하를 갖는 CFXTEN 조성물의 XTEN은 다양한 음으로 하전된 표면, 예컨대 혈관, 조직 또는 다양한 수용체와의 덜 비특이적인 상호작용을 갖는 것으로 예상되고, 이는 능동 청소 감소에 추가로 기여할 것이다. 반대로, 낮은 순 전하를 갖는(또는 갖지 않는) CFXTEN 조성물의 XTEN이, 응고 과정 및 응고 인자의 활성화의 강도에 대한 세포(예를 들면, 혈소판) 및 혈관 표면의 공지된 기여를 고려하면, 관련 응고 인자의 활성을 강화시킬 수 있는 표면과의 더 높은 정도의 상호작용을 갖는 것으로 생각된다(Zhou, R., et al., Biomaterials (2005) 26(16):2965-2973; London, F., et al. Biochemistry (2000) 39(32):9850-9858).

[0220] 본 발명의 조성물의 XTEN은 일반적으로 적은 함량의 양으로 하전된 아미노산을 갖거나 갖지 않는다. 몇몇 실시형태에서, XTEN은 약 10% 미만의 양전하를 갖는 아미노산 잔기 또는 약 7% 미만 또는 약 5% 미만 또는 약 2% 미만 또는 약 1% 미만의 양전하를 갖는 아미노산 잔기를 가질 수 있다. 그러나, 본 발명은 라이신과 같은 양전하를 갖는 아미노산의 한정된 수가 XTEN으로 편입되어 라이신의 엡실론 아민과 펩타이드 상의 반응기, 링커 브릿지 또는 약물 또는 XTEN 골격에 접합하고자 하는 작은 분자 상의 반응기 사이의 접합을 허용하는 작제물을 고려한다. 상기의 일 실시형태에서, 당해 CFXTEN의 XTEN은 약 1개 내지 약 100개의 라이신 잔기 또는 약 1개 내지 약 70개의 라이신 잔기 또는 약 1개 내지 약 50개의 라이신 잔기 또는 약 1개 내지 약 30개의 라이신 잔기 또는 약 1개 내지 약 20개의 라이신 잔기 또는 약 1개 내지 약 10개의 라이신 잔기 또는 약 1개 내지 약 5개의 라이신 잔기 또는 대안적으로 오직 단일의 라이신 잔기를 갖는다. 상기 라이신 함유 XTEN을 사용하여, XTEN, FVIII 응고 인자와 함께 응고이상 병증의 치료에서 유용한 화학요법제 또는 다른 응고 인자 또는 보조인자를 포함하는 융합 단백질이 작제될 수 있고, XTEN 성분으로 편입된 물질의 분자의 최대 수는 XTEN으로 도입된 라이신 또는 반응성 측쇄를 갖는 다른 아미노산(예를 들면, 시스테인)의 수에 의해 결정된다.

[0221] 소수성 아미노산이 폴리펩타이드에 구조를 부여하면서, 본 발명은 XTEN에서의 소수성 아미노산의 함량이 통상적으로 5% 미만 또는 2% 미만 또는 1% 미만의 소수성 아미노산 함량인 것을 제공한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질의 XTEN 성분에서의 메티오닌 및 트리토판의 아미노산 함량은 통상적으로 5% 미만 또는 2% 미만, 가장 바람직하게는 1% 미만이다. 다른 실시형태에서, 당해 CFXTEN 조성물의 XTEN은 10% 미만의 양전하를 갖는 아미노산 잔기 또는 약 7% 미만 또는 약 5% 미만 또는 약 2% 미만의 양전하를 갖는 아미노산 잔기를 갖는 서열을 갖고, 메티오닌과 트리토판 잔기의 합은 전체 XTEN 서열의 2% 미만이고, 아스파라긴과 글루타민 잔기의 합은 5% 미만이다.

[0222] 5. 낮은 면역원성

[0223] 다른 양태에서, 본 명세서에 제공된 XTEN 서열은 낮은 정도의 면역원성을 갖거나 실질적으로 비면역원성이다. 예를 들면, 비반복 서열, 비구조화 입체구성, 높은 정도의 용해도, 낮은 정도의 자가 응집 또는 이의 결여, 서열 내의 낮은 정도의 단백질분해 자리 또는 이의 결여 및 XTEN 서열 내 낮은 정도의 에피토프 또는 이의 결여와 같은 몇몇 인자는 XTEN의 낮은 면역원성에 기여할 수 있다.

[0224] 입체구성 에피토프는 단백질 항원의 다수의 불연속 아미노산 서열로 이루어진 단백질 표면의 구역에 의해 형성된다. 단백질의 정확한 폴딩은 이 서열이 잘 한정된, 안정한 공간 구성 또는 에피토프가 되게 하여, 숙주 체액성 면역계에 의해 "외래"로 인식될 수 있어서, 단백질에 대해 항체가 제조되거나 세포 매개 면역 반응이 활성화된다. 활성화의 경우, 개인에서 단백질에 대한 면역 반응은 이 개인의 HLA-DR 동종이인자형의 펩타이드 결합 특이성의 작용인 T 세포 에피토프 인식에 의해 크게 영향을 받는다. T 세포의 표면 상의 동족 T 세포 수용체에 의한 MHC II형 펩타이드 복합체의 확대와 함께 CD4 분자와 같은 특정한 다른 공동수용체의 가교결합은 T 세포 내의 활성화된 상태를 유도할 수 있다. 활성화는 사이토카인을 방출시켜 B 세포와 같은 다른 림프구를 추가로 활성화하여 완전한 세포 면역 반응으로서 항체 또는 활성화 T 살해 세포를 제조한다.

[0225] APC(항원 제시 세포)의 표면에서 제시를 위한 소정의 MHC II형 분자에 결합하는 펩타이드의 능력은 다수의 인자; 대부분 특히 이의 1차 서열에 따라 달라진다. 일 실시형태에서, 항원 제시 세포에서 항원 처리에 내성하는 XTEN 서열을 설계하고/하거나 MHC 수용체에 잘 결합하지 않는 서열을 선택함으로써 더 낮은 정도의 면역원성이 성취된다. 본 발명은 MHC II 수용체와의 결합을 감소시키도록 설계된 실질적으로 비반복 XTEN 폴리펩타이드를 갖고, T 세포 수용체에 대한 에피토프의 형성 또는 항체 결합을 회피하여, 낮은 정도의 면역원성을 발생시키는 CFXTEN 융합 단백질을 제공한다. 면역원성의 회피는, 적어도 부분적으로, XTEN 서열의 입체구성 융통성의 결과; 즉 아미노산 잔기의 선택 및 순서로 인한 2차 구조 결여에 기여할 수 있다. 예를 들면, 수용액 중에 또는

입체구성 에피토프를 생성시키는 생리학적 조건 하에 촘촘히 폴딩된 입체구성을 채택하는 경향이 낮은 서열이 특히 중요하다. 종래의 치료학적 실행 및 투약을 이용하여 XTEN을 포함하는 융합 단백질의 투여는 일반적으로 XTEN 서열에 대한 중화 항체를 형성하지 않고 또한 CFXTEN 조성물에서 FVIII 융합 파트너의 면역원성을 감소시킨다.

[0226] 일 실시형태에서, 당해 융합 단백질에서 사용되는 XTEN 서열은 인간 T 세포에 의해 인식되는 에피토프가 실질적으로 부재할 수 있다. 덜 면역원성인 단백질을 생성할 목적으로 이러한 에피토프의 제거는 이전에 개시되어 있고; 예를 들면, WO 98/52976, WO 02/079232 및 WO 00/3317(본 명세서에서 참조문헌으로 포함됨)을 참조한다. 인간 T 세포 에피토프에 대한 검정은 기재되어 있다(Stickler, M., *et al.* (2003) *J Immunol Methods*, 281: 95-108). T 세포 에피토프 또는 비인간 서열을 생성함이 없이 올리고화될 수 있는 펩타이드 서열이 특히 중요하다. T 세포 에피토프의 존재에 대해 및 인간이 아닌 6합체 내지 15합체 및 특히 9합체 서열의 존재에 대해 이 서열의 직접 반복을 시험하고 이후 에피토프 서열을 제거하거나 파괴하기 위해 XTEN 서열의 설계를 변경함으로써 이는 성취된다. 몇몇 실시형태에서, XTEN 서열은 MHC 수용체에 결합하는 것으로 예측된 XTEN의 에피토프 수의 제한에 의해 실질적으로 비면역원성이다. MHC 수용체에 결합할 수 있는 에피토프 수 감소로, T 세포 활성화 및 T 세포 보조 작용에 대한 수반되는 가능성 감소, B 세포 활성화 감소 또는 상향조절 및 항체 제조 감소가 있다. 낮은 정도의 예측된 T 세포 에피토프는 에피토프 예측 알고리즘, 예를 들면 실시예 46에 도시된 테피토프(Sturniolo, T., *et al.* (1999) Nat Biotechnol, 17: 555-61)에 의해 결정될 수 있다. 단백질 내의 소정의 펩타이드 프레임의 테피토프 스코어는 문헌[Sturniolo, T. *et al.* (1999) *Nature Biotechnology* 17:555)]에 개시된 바대로 다수의 가장 일반적인 인간 MHC 대립유전자에 대한 이 펩타이드 프레임의 결합의 K_d(해리 상수, 친화도, 분해 속도)의 로그이다. 스코어는 약 10 내지 약 -10($10e^{10}$ K_d 내지 $10e^{-10}$ K_d의 결합 구속에 상응)의 적어도 20 로그 초과의 범위이고, M, I, L, V, F와 같은 MHC에서 펩타이드 디스플레이 동안 고정 잔기로서 작용하는 소수성 아미노산을 회피함으로써 감소할 수 있다. 몇몇 실시형태에서, CFXTEN으로 도입된 XTEN 성분은 약 -5, 또는 -6, 또는 -7, 또는 -8, 또는 -9의 테피토프 임계 스코어 또는 -10의 테피토프 스코어에서 예측된 T 세포 에피토프를 갖지 않는다. 본 명세서에 사용되는 "-9"의 스코어는 -5의 스코어보다 더 엄격한 테피토프 임계값이다.

[0227] 다른 실시형태에서, 당해 CFXTEN 융합 단백질에 도입된 것을 포함하여 본 발명의 XTEN 서열은 XTEN의 서열로부터 공지된 단백질분해 자리의 제한에 의해 실질적으로 비면역원성이 되어, MHC II 수용체에 결합할 수 있는 작은 펩타이드로 XTEN의 처리를 감소시킨다. 다른 실시형태에서, XTEN 서열은 2차 구조가 실질적으로 없는 서열의 사용에 의해 실질적으로 비면역원성이 되어, 구조의 높은 엔트로피로 인해 많은 프로테아제에 내성을 부여한다. 따라서, 테피토프 스코어 감소 및 XTEN으로부터의 공지된 단백질분해 자리의 제거는, CFXTEN 융합 단백질 조성물의 XTEN을 포함하는 XTEN 조성물이, 면역계의 수용체 또는 FVIII을 표적화하는 능동 청소 수용체를 포함하는 포유동물 수용체에 의해 실질적으로 비결합되게 한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질의 XTEN은 포유동물 수용체에 100nM 초과의 K_d 결합, 또는 포유동물 세포 표면 수용체 또는 순환하는 폴리펩타이드 수용체에 대해 500nM 초과의 K_d 또는 1μM 초과의 K_d를 가질 수 있다.

[0228] 추가로, 비반복 서열 및 XTEN의 에피토프의 상응하는 결여는 XTEN에 결합하거나 이에 의해 활성화되는 B 세포의 능력을 제한한다. 반복 서열은 인식되고 심지어 적은 B 세포와의 다가 접촉을 형성할 수 있고, 다수의 T 세포 독립적인 수용체의 가교 결합의 결과로서, B 세포 증식 및 항체 제조를 자극할 수 있다. 반대로, XTEN은 이의 연장된 서열에 걸쳐 많은 상이한 B 세포와 접촉할 수 있고, 각각의 개별 B 세포는 서열의 반복성 결여로 인해 개별 XTEN과 오직 하나의 또는 작은 수의 접촉을 만들 수 있다. 임의의 이론에 구속되고자 함이 없이, XTEN은 통상적으로 B 세포의 증식 및 이에 따른 면역 반응을 자극하는 경향이 훨씬 더 낮다. 일 실시형태에서, CFXTEN은 XTEN에 융합되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 면역원성이 감소한다. 일 실시형태에서, 포유동물에 대한 CFXTEN의 3회 이하의 비경구 용량의 투여는 1:1000의 희석에서가 아니라 1:100의 혈청 희석에서 검출 가능한 항-CFXTEN IgG를 생성시킨다. 다른 실시형태에서, 포유동물에 대한 CFXTEN의 3회 이하의 비경구 용량의 투여는 1:1000의 희석에서가 아니라 1:100의 혈청 희석에서 검출 가능한 항-FVIII IgG를 생성시킨다. 다른 실시형태에서, 포유동물에 대한 CFXTEN의 3회 이하의 비경구 용량의 투여는 1:1000의 희석에서가 아니라 1:100의 혈청 희석에서 검출 가능한 항-XTEN IgG를 생성시킨다. 상기 실시형태에서, 포유동물은 마우스, 래트, 래빗 또는 사이노몰거스 원숭이일 수 있다.

[0229] 높은 정도의 반복성을 갖는 서열에 대한 비반복 서열을 갖는 XTEN의 추가의 특징은 비반복 XTEN이 항체와 더 약한 접촉을 형성한다는 것이다. 항체는 다가 분자이다. 예를 들어, IgG는 2개의 동일한 결합 자리를 갖고, IgM은 10개의 동일한 결합 자리를 포함한다. 따라서, 반복 서열에 대한 항체는 높은 결합도를 갖는 이러한 반복 서열

과 다가 접촉을 형성할 수 있고, 이는 이러한 반복 서열의 효능 및/또는 제거에 영향을 미칠 수 있다. 반대로, 비반복 XTEN에 대한 항체는 수율 1가 상호작용을 생성시킬 수 있어서, 면역 청소가 덜 일어나게 하여, CFXTEN 조성물은 증가된 동안 순환 시 잔류할 수 있다. 또한, 도 6에 도식적으로 도시된 것처럼, XTEN의 가요성 비구조화 성질이 XTEN 삽입 부위에 근접한 FVIII 구역의 입체 차폐를 제공하고 FVIII 억제제에 의한 결합에 입체 장애를 제공하는 것으로 생각된다.

[0230] 다른 양태에서, 융합 파트너로서 유용한 당해 XTEN은 높은 유체 역학 반경을 갖고; 이 특성은 몇몇 실시형태에서 XTEN을 도입하는 CFXTEN 융합 단백질에 대한 상응하는 겉보기 분자량 증가를 부여하고, 다른 실시형태에서 FVIII 억제제 및 항-FVIII 항체에 대한 입체 장애를 증대시켜, CFXTEN에 결합하는 이의 능력을 감소시키는 특성이다. 실시예 26에 기재된 것처럼, 치료학적 단백질 서열에 대한 XTEN의 연결은 XTEN에 연결되지 않은 치료학적 단백질과 비교하여 유체 역학 반경을 증가시키고, 겉보기 분자량을 증가시키고, 겉보기 분자량 인자를 증가시킬 수 있는 CFXTEN 조성물을 생성시킨다. 예를 들면, 반감기 연장이 바람직한 치료학적 분야에서, 유체 역학 반경이 큰 XTEN이 치료학적 단백질을 포함하는 융합 단백질로 도입된 조성물은 (약 70kDa의 겉보기 분자량에 상응하는) 대략 3-5㎚의 사구체 기공 크기를 넘어 조성물의 유체 역학 반경을 효과적으로 확대하여(Caliceti. 2003. Pharmacokinetic and biodistribution properties of poly(ethylene glycol)-protein conjugates. Adv Drug Deliv Rev 55:1261-1277), 상응하게 종료 반감기가 증가하고 다른 약동학적 특성이 증대되면서 순환하는 단백질의 신장 청소율이 감소할 수 있다. 단백질의 유체 역학 반경은 형상 또는 조밀도를 포함하는 이의 분자량 및 이의 구조에 의해 부여된다. 특정 이론에 구속되고자 함이 없이, XTEN은 펩타이드의 개별 전하 사이의 정전기 반발 또는 2차 구조를 부여하는 가능성이 결여된 서열에서 특정한 아미노산에 의해 전해지는 고유 융통성으로 인해 개방 입체구성을 채택할 수 있다. XTEN 폴리펩타이드의 개방되고 연장된 비구조화 입체구성은 통상적인 사구체 단백질과 같은 2차 및/또는 3차 구조를 갖는 필적하는 서열 길이 및/또는 분자량의 폴리펩타이드와 비교하여 더 높은 비례 유체 역학 반경을 가질 수 있다. 미국 특허 제6,406,632호 및 제7,294,513호에 기재된 크기 배제 크로마토그래피(SEC)의 사용에 의한 것과 같은 유체 역학 반경을 결정하는 방법이 당해 분야에 널리 공지되어 있다. 실시예 26은 XTEN 길이 증가가 유체 역학 반경, 겉보기 분자량 및/또는 겉보기 분자량 인자를 비례하여 증가시키고 따라서 겉보기 분자량 또는 유체 역학 반경의 원하는 컷오프 값으로 CFXTEN의 맞춤을 허용한다는 것을 나타낸다. 따라서, 특정한 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 XTEN과 구성될 수 있어서 융합 단백질은 유체 역학 반경이 적어도 약 5㎚ 또는 적어도 약 8㎚ 또는 적어도 약 10㎚ 또는 약 12㎚ 또는 약 15㎚ 또는 약 20㎚ 또는 약 30㎚ 이상일 수 있다. 상기 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질에서 XTEN에 의해 부여되는 큰 유체 역학 반경은 생성된 융합 단백질의 청소율을 감소시키고, 종료 반감기를 증가시키고 평균 잔류 시간을 증가시킬 수 있다.

[0231] 일반적으로, FVIII 성분의 성숙 형태의 실제 분자량은 약 265kDa이고, FVIII BDD의 경우, 이는 약 165kDa이다. FVIII BDD와 함께 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질의 실제 분자량은 XTEN 성분의 길이에 따라 약 200 내지 약 270kDa 범위이다. 실시예에 기재된 것처럼, CFXTEN 융합 단백질의 분자량이 크기 배제 크로마토그래피 분석으로부터 추론될 때, 낮은 정도의 2차 구조로 인한 XTEN의 개방 입체구성은 이들이 도입된 융합 단백질의 겉보기 분자량을 증가시킨다. 몇몇 실시형태에서, FVIII 및 적어도 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN은 적어도 약 400kD 또는 적어도 약 500kD 또는 적어도 약 700kD 또는 적어도 약 1000kD 또는 적어도 약 1400kD 또는 적어도 약 1600kD 또는 적어도 약 1800kD 또는 적어도 약 2000kD의 겉보기 분자량을 나타낸다. 따라서, 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질은 융합 단백질의 실제 분자량보다 약 1.3배 초과 또는 약 2배 초과 또는 약 3배 초과 또는 약 4배 초과 또는 약 8배 초과 또는 약 10배 초과 또는 약 12배 초과 또는 약 15배 초과인 겉보기 분자량을 나타낸다. 일 실시형태에서, 본 명세서에 개시된 임의의 실시형태의 단리된 CFXTEN 융합 단백질은 생리학적 조건 하에 약 1.3 또는 약 2 또는 약 3 또는 약 4 또는 약 5 또는 약 6 또는 약 7 또는 약 8 또는 약 10 초과 또는 약 15 초과인 겉보기 분자량 인자를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 생리학적 조건 하에 융합 단백질의 실제 분자량에 비해 겉보기 분자량 인자가 약 3 내지 약 20 또는 약 5 내지 약 15 또는 약 8 내지 약 12 또는 약 9 내지 약 10이다. 당해 CFXTEN 조성물의 겉보기 분자량 증가가, 능동 청소 감소, FVIII 억제제에 의한 결합 감소 및 모세관 및 정맥 출혈의 손실 감소를 포함하여, 인자의 조합에 의해 융합 단백질의 약동학적 특성을 증대시킨다고 생각된다.

[0232] **IV). CFXTEN 조성물**

[0233] 본 발명은 하나 이상의 XTEN 서열에 연결된 VIII 인자를 갖는 융합 단백질을 포함하는 조성물을 제공하고, 융합 단백질은 피험체에게 투여될 때 내재성 또는 접촉 활성화 응고 경로에서 기존의 FVIII의 양을 대체하거나 증대시키도록 작용한다. 본 발명은 이를 필요로 하는 피험체에 대한 외인성으로 투여된 VIII 인자의 종료 반감기를

증가시키는 고대하던 수요를 해소한다. 치료학적 단백질의 순환 반감기를 증가시키는 일 방식은 단백질의 신장 청소 또는 대사가 감소하도록 보장하는 것이다. 종료 반감기를 증가시키는 다른 방식은, 수용체, 단백질의 활성 대사 또는 다른 내인성 기전에 의해 중재 되든, 치료학적 단백질의 능동 청소를 감소시키는 것이다. 단백질에 분자 크기(또는 유체 역학 반경) 증가를 부여하고 따라서 신장 청소를 감소시킬 수 있는 한편, 대사 또는 청소에 기여하는 청소 수용체 또는 다른 단백질에 대한 단백질의 결합을 방해할 수 있는 중합체에 단백질을 접합함으로써 둘 다를 성취할 수 있다. 따라서, 본 발명의 특정한 목적은 더 긴 순환 또는 종료 반감기를 갖는 개선된 FVIII 분자를 제공하는 것, FVIII 조성물의 필요한 투여 수 또는 빈도를 감소시키는 것, 네이티브 응고 VIII 인자와 비교하여 활성의 적어도 일부를 보유하는 것 및/또는 현재 구입 가능한 VIII 인자 제조와 비교하여 더 효과적으로, 더 효율적으로, 더 경제적으로 및/또는 더 큰 안전성으로 응고 결핍증 및 비조절 출혈을 치료하는 능력을 증대시키는 것을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다.

[0234] 따라서, 본 발명은 CFXTEN 융합 단백질 조성물을 생성시키는 하나 이상의 연장된 재조합 폴리펩타이드("XTEN")에 공유 결합된 FVIII를 포함하는 재조합 VIII 인자 융합 단백질 조성물을 제공한다. 본 명세서에 사용되는 용어 "CFXTEN"은 FVIII 응고 인자와 관련된 응고촉진 활성을 할 수 있는 FVIII 또는 FVIII의 일부를 포함하는 적어도 하나의 페이로드 구역 및 페이로드 구역 내에 삽입되고/되거나 말단에 부착될 수 있는 하나 이상의 XTEN 폴리펩타이드를 포함하는 적어도 하나의 다른 구역을 포함하는 융합 폴리펩타이드를 포함하는 것으로 의도된다. 일 실시형태에서, FVIII은 네이티브 FVIII이다. 다른 실시형태에서, FVIII은 본 명세서에 개시된 네이티브 FVIII의 응고촉진 활성의 적어도 일부를 보유하는 천연 서열의 서열 변이체, 단편, 동족체 또는 모방체이다. 조성물에서의 포함에 적합한 FVIII의 비제한적인 예는 표 1의 서열 또는 표 1의 서열과 적어도 80% 또는 적어도 90% 또는 적어도 91% 또는 적어도 92% 또는 적어도 93% 또는 적어도 94% 또는 적어도 95% 또는 적어도 96% 또는 적어도 97% 또는 적어도 98% 또는 적어도 99%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다. 바람직한 실시형태에서, FVIII은 B 도메인 결실(BDD) FVIII 서열 변이체, 예컨대 표 1로부터의 BDD 서열 또는 당해 분야에 공지된 다른 이러한 서열이다. 다른 바람직한 실시형태에서, CFXTEN은 단백질의 성숙 동안 개열되는 네이티브 19개의 아미노산 신호 서열과 발현된 B 도메인 결실(BDD) FVIII 서열 변이체를 포함한다.

[0235] 본 발명의 조성물은 이를 필요로 하는 피험체에 투여될 때 VIII 인자 결핍증 또는 내인성으로 제조된 FVIII에서의 결함과 관련된 병증, 또는 외상, 수술, VIII 인자 결핍증 또는 결함과 관련된 출혈 장애를 중재하거나 예방하거나 경감시키는 데 유용한 융합 단백질을 포함한다. 네이티브 FVIII과 비교하여 약동학적 매개변수 증가, 용해도 증가, 안정성 증가 또는 몇몇 다른 약제학적 특성 증대가 추구되거나, 종료 반감기 증가가 감소한 투약 빈도로 효율, 안전성 또는 결과를 개선하고/하거나 환자 관리를 개선하는 CFXTEN 융합 단백질 조성물이 특히 중요하다. 본 명세서에 개시된 실시형태의 CFXTEN 융합 단백질은 본 명세서에 기재된 개선된 특성 및/또는 실시형태 중 하나 이상 또는 이의 임의의 조합을 나타낸다. 몇몇 실시형태에서, CFXTEN 융합 조성물은, XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 더 긴 기간 동안 피험체에 투여되고 이를 필요로 하는 피험체(예를 들면, A형 혈우병을 지닌 피험체, 예컨대 인간 또는 마우스 또는 원숭이)에게 필적하는 용량으로 투여될 때, 적어도 0.01 내지 0.05 또는 0.05 내지 0.1 또는 0.1 내지 0.4IU/㎖의 임계값 초과의 수준에 있는다.

[0236] 당해 조성물의 FVIII, 특히 표 1에 개시된 것은, 상응하는 핵산 및 아미노산 서열과 함께, 공중 데이터베이스, 예컨대 화학 목록 색인 데이터베이스(예를 들면, CAS 등록번호), 진뱅크, 유니버셜 단백질 리소스(유니프로트), 가입 제공 데이터베이스, 예컨대 GenSeq(예를 들면, Derwent) 및 특허 및 주요 문헌에서 입수 가능하다. 당해 CFXTEN 서열을 발현하기 위해 적용 가능한 폴리뉴클레오타이드 서열은 소정의 FVIII(예를 들면, 전장 또는 성숙)을 코딩하는 야생형 폴리뉴클레오타이드 서열일 수 있거나, 몇몇 경우에 서열은 야생형 폴리뉴클레오타이드 서열의 변이체, 예를 들면 폴리뉴클레오타이드의 DNA 서열이 예를 들면 특정한 종에서 발현을 위해 최적화된 야생형 생물학적 활성 단백질을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드, 또는 야생형 단백질의 변이체, 예컨대 자리 지정 돌연변이체 또는 대립유전자 변이체를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드일 수 있다. 당해 분야에 공지된 방법을 이용하여 및/또는 본 명세서에 제공되고 실시예에 더 완전히 기재된 가이드 및 방법과 함께 본 발명에 고려되는 CFXTEN 작제물을 생성하기 위해 FVIII의 야생형 또는 공통 cDNA 서열 또는 코돈 최적화 변이체를 사용하는 것은 당해 분야의 당업자의 능력 내에 있다.

[0237] 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 표 4에 기재된 42개, 144개, 288개, 576개 또는 864개의 아미노산을 갖는 AE 또는 AG 패밀리의 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 (예를 들면, XTEN 상기 기재된 바대로) 단일 XTEN에 연결된 표 1의 서열과 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 나타내는 단일 FVIII 분자를 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 2개의 XTEN에 연결된 단일 FVIII을 포함하

고, XTEN은 동일하거나 상이할 수 있다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 이상의 XTEN 서열에 연결된 단일 FVIII 분자를 포함하고, FVIII은, 최적으로 정렬될 때, 표 1로부터 선택된 단백질 서열과 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열이고, 하나 이상의 XTEN은 각각, 최적으로 정렬될 때, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 하나 이상의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는다. CFXTEN이 2개 이상의 XTEN을 갖는 상기 실시형태에서, XTEN은 동일할 수 있거나, 상이한 서열일 수 있다. 또 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 동일하거나 상이할 수 있는 3개, 4개, 5개, 6개 이상의 XTEN 서열과 배치되고 이에 연결된 부분과, 최적으로 정렬될 때, 표 1로부터 선택된 필적하는 길이의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 나타내는 단일 FVIII을 포함하고, 각각, 최적으로 정렬될 때, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 서열 또는 이의 단편과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는다. 또 다른 실시형태에서, 본 발명은, 최적으로 정렬될 때, 표 21로부터의 서열과 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질을 제공한다.

[0238] 1. CFXTEN 융합 단백질 구성

[0239] 본 발명은 CF 및 XTEN 성분이 특정한 N 내지 C 말단 구성에서 연결된 CFXTEN 융합 단백질 조성물을 제공한다.

[0240] CFXTEN 조성물의 일 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 I의 융합 단백질을 제공한다:

[0241] $(XTEN)_x$-CF-$(XTEN)_y$ I

[0242] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, CF는 표 1로부터의 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 본 명세서에 정의된 VIII 인자이고; x는 0 또는 1이며, y는 0 또는 1이고, $x + y \geq 1$이며; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 따라서, CFXTEN 융합 조성물은 XTEN-CF, XTEN-CF-XTEN 또는 CF-XTEN 구성을 가질 수 있다.

[0243] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 II의 융합 단백질을 제공한다:

[0244] $(XTEN)_x$-$(S)_x$-(CF)-$(XTEN)_y$ II

[0245] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, CF는 표 1에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 본 명세서에 정의된 VIII 인자이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; x는 0 또는 1이고, y는 0 또는 1이며, $x + y \geq 1$이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다.

[0246] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 III의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0247] $(XTEN)_x$-$(S)_x$-(CF)-$(S)_y$-$(XTEN)_y$ III

[0248] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, CF는 표 1에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함하는 본 명세서에 정의된 VIII 인자이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미

노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; x는 0 또는 1이고, y는 0 또는 1이며, x + y ≥ 1이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다.

[0249] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 IV의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0250] $(A1)-(XTEN)_u-(A2)-(XTEN)_v-(B)-(XTEN)_w-(A3)-(XTEN)_x-(C1)-(XTEN)_y-(C2)-(XTEN)_z$ IV

[0251] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; B는 B 도메인의 단편 또는 스플라이스 변이체일 수 있는 FVIII의 B 도메인이며; C1은 FVIII의 C1 도메인이고; C2는 FVIII의 C2 도메인이며; v는 0 또는 1이고; w는 0 또는 1이며; x는 0 또는 1이고; y는 0 또는 1이며; y는 0 또는 1이되, 단 u + v + x + y + z ≥ 1이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다.

[0252] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 V의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0253] $(XTEN)_t-(S)_a-(A1)-(S)_b-(XTEN)_u-(S)_b-(A2)-(S)_c-(XTEN)_v-(S)_c-(B)-(S)_d-(XTEN)_w-(S)_d-(A3)-(S)_e-(XTEN)_x-(S)_e-(C1)-(S)_f-(XTEN)_y-(S)_f-(C2)-(S)_g-(XTEN)_z$ V

[0254] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; B는 B 도메인의 단편 또는 스플라이스 변이체일 수 있는 FVIII의 B 도메인이며; C1은 FVIII의 C1 도메인이고; C2는 FVIII의 C2 도메인이며; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이고; a는 0 또는 1이며; b는 0 또는 1이고; c는 0 또는 1이며; d는 0 또는 1이고; e는 0 또는 1이며; f는 0 또는 1이고; g는 0 또는 1이며; t는 0 또는 1이고; u는 0 또는 1이며; v는 0 또는 1이고; w는 0 또는 1이며, x는 0 또는 1이고; y는 0 또는 1이며; z는 0 또는 1이되, 단 t + u + v + w + x + y + z ≥ 1이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0255] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 VI의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0256] $(XTEN)_u-(S)_a-(A1)-(S)_b-(XTEN)_v-(S)_b-(A2)-(S)_c-(XTEN)_w-(S)_c-(A3)-(S)_d-(XTEN)_x-(S)_d-(C1)-(S)_e-(XTEN)_y-(S)_e-(C2)-(S)_f-(XTEN)_z$ VI

[0257] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; C1은 FVIII의 C1 도메인이며; C2는 FVIII의 C2 도메인이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; a는 0 또는 1이고; b는 0 또는 1이며; c는 0 또는 1이고; d는 0 또는 1이며; e는 0 또는 1이고; f는 0 또는 1이며; u는 0 또는 1이고; v는 0 또는 1이며; w는 0 또는 1이고, x는 0 또는 1이며; y는 0 또는 1이고; z는 0 또는 1이되, 단 u + v + w + x + y + z ≥ 1이며; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0258] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 VII의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0259] $(SP)-(XTEN)_x-(CS)_x-(S)_x-(FVIII\_1-745)-(S)_y-(XTEN)_y-(S)_y-(FVIII\_1640-2332)-(S)_z-(CS)_z-(XTEN)_z$

VII

[0260] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, SP는 신호 펩타이드, 바람직하게는 서열 MQIELSTCFFLCLLRFCFS(서열 번호

1611)를 갖는 신호 펩타이드이고, CS는 표 12에 기재된 개열 서열이며, S는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이고, "FVIII_1-745"는 FVIII 인자의 1-745번 잔기이며, "FVIII_1635-2332"는 FVIII의 1635-2332번 잔기이고, x는 0 또는 1이며, y는 0 또는 1이고, z는 0 또는 1이며, x + y + z > 2이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 VII의 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0261] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 VIII의 재조합 VIII 인자 융합 단백질을 제공한다:

[0262] $(A1)-(S)_a-(XTEN)_v-(S)_a-(A2)-(B1)-(S)_b-(XTEN)_w-(S)_b-(B2)-(A3)-(S)_c-(XTEN)_x-(S)_c-(C1)-(S)_d-(XTEN)_y-(S)_d-(C2)-(S)_e-(XTEN)_z$ VIII

[0263] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, A1은 FVIII의 A1 도메인이고; A2는 FVIII의 A2 도메인이며; B1은 FVIII의 741번 내지 743-750번 잔기 또는 대안적으로 FVIII의 약 741번 잔기 내지 약 745번 잔기를 가질 수 있는 B 도메인의 단편이고; B2는 FVIII의 1635-1686번 내지 1689번 잔기 또는 대안적으로 FVIII의 약 1640번 잔기 내지 약 1689번 잔기를 가질 수 있는 B 도메인의 단편이며; A3은 FVIII의 A3 도메인이고; C1은 FVIII의 C1 도메인이며; C2는 FVIII의 C2 도메인이고; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이며; a는 0 또는 1이고; b는 0 또는 1이며; c는 0 또는 1이고; d는 0 또는 1이며; e는 0 또는 1이고; f는 0 또는 1이며; u는 0 또는 1이고; v는 0 또는 1이며; w는 0 또는 1이고, x는 0 또는 1이며; y는 0 또는 1이고; z는 0 또는 1이되, 단 u + v + w + x + y + z ≥ 1이며; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 VIII의 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 화학식 V의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열이다.

[0264] CFXTEN 조성물의 다른 실시형태에서, 본 발명은 하기 화학식 IX의 융합 단백질의 재조합 VIII 인자를 제공한다:

[0265] $(A1_N)-(S)_a-(XTEN)_t-(S)_b-(A1_C)-(A2_N)-(S)_c-(XTEN)_u-(S)_d-(A2_C)-(B_N)-(S)_e-(XTEN)_v-(S)_f-(B_C)-(A3_N)-(S)_g-(XTEN)_w-(S)_h-(A3_C)-(C1_N)-(S)_i-(XTEN)_x-(S)_j-(C1_C)-(C2_N)-(S)_k-(XTEN)_y-(S)_l-(C2_C)-(S)_m-(XTEN)_z$ IX

[0266] 식 중, 각각의 발생시 독립적으로, $A1_N$은 적어도 1번(네이티브, 성숙 FVIII에 대해 넘버링됨) 잔기 내지 371번 잔기 이하의 A1 도메인의 단편이고, $A1_c$는 적어도 2번 잔기 내지 372번 잔기 이하의 A1 도메인의 단편이며; $A2_N$은 적어도 373번 잔기 내지 번호 739번 잔기 이하의 A2 도메인의 단편이고, $A2_c$는 적어도 374번 잔기 내지 번호 740번 잔기 이하의 A2 도메인의 단편이며; B_N은 적어도 741번 잔기 내지 1647번 잔기 이하의 B 도메인의 단편이고, B_c는 적어도 742번 잔기 내지 1648번 잔기 이하의 B 도메인의 단편이며; $A3_N$은 적어도 1649번 잔기 내지 2019번 잔기 이하의 A3 도메인의 단편이고, $A3_c$은 적어도 1650번 잔기 내지 2019번 잔기 이하의 A3 도메인의 단편이며; $C1_N$은 적어도 2020번 잔기 내지 2171번 잔기 이하의 C1 도메인의 단편이고, $C1_c$는 적어도 2021번 잔기 내지 2172번 잔기 이하의 C1 도메인의 단편이며; $C2_N$은 적어도 2173번 잔기 내지 2331번 잔기 이하의 C2 도메인의 단편이고, $C2_c$는 적어도 2174번 잔기 내지 2332번 잔기 이하의 C2 도메인의 단편이며; S는 개열 서열 또는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있는 1개 내지 약 50개의 아미노산 잔기를 갖는 스페이서 서열이고; a는 0 또는 1이며; b는 0 또는 1이고; c는 0 또는 1이며; d는 0 또는 1이고; e는 0 또는 1이며; f는 0 또는 1이고; g는 0 또는 1이며; h는 0 또는 1이고; i는 0 또는 1이며; j는 0 또는 1이고; k는 0 또는 1이며; l은 0 또는 1이고; m은 0 또는 1이며; t는 0 또는 1이고; u는 0 또는 1이며; v는 0 또는 1이고; w는 0 또는 1이며, x는 0 또는 1이고; y는 0 또는 1이며; z는 0 또는 1이되, 단 t + u + v + w + x + y + z ≥ 1이고; XTEN은 표 4에 기재된 서열과 적어도 90%의 동일성을 갖는 서열(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 연장된 재조합 폴리펩타이드이다. 화학식 IX의 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 화학식 IX의 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 글라이신 또는 표 11 및 표 12로부터 선택된 서열

이다.

[0267] 화학식 IV 내지 VIII의 실시형태는 약 6개의 아미노산 내지 1000개 이상의 아미노산 범위의 길이의 하나 이상의 XTEN(예를 들면, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 어느 하나로부터 선택된 서열 또는 이의 단편 또는 이에 대한 적어도 약 90 내지 99% 이상의 서열 동일성을 나타내는 서열)이 VIII 인자의 인접한 도메인 사이에 삽입되고 연결되거나 FVIII의 N 또는 C 말단에 연결된 CFXTEN 구성을 포함한다. 화학식 V-VIII의 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN이 제한 자리와 상용성인 아미노산을 임의로 포함할 수 있거나 개열 서열(예를 들면, 하기 더 자세히 기재된 것처럼 표 11 및 표 12의 서열)을 포함할 수 있는 스페이서 서열을 통해 FVIII 도메인에 연결되어, XTEN 코딩 서열이, 제한 자리의 경우, CFXTEN 작제물로 통합될 수 있고, 개열 서열의 경우, XTEN이 개열 서열에 적절한 프로테아제의 작용에 의해 융합 단백질로부터 방출될 수 있는 구성을 추가로 제공한다.

[0268] 화학식 VI 내지 VIII의 실시형태는 화학식 VI 내지 VIII의 FVIII 성분이 오직 B 도메인의 짧은 잔기 서열을 보유하는 VIII 인자의 B 도메인 결실 형태("FVIII BDD")이고, 이의 서열의 비제한적인 예가 표 1에 제공되고, 약 6개의 아미노산 내지 1000개 이상의 아미노산 범위의 길이의 하나 이상의 XTEN 또는 XTEN의 단편(예를 들면, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 어느 하나로부터 선택된 서열)이 VIII 인자의 인접한 도메인 및/또는 B 도메인의 잔여, 예컨대 표 8의 것 사이에 삽입되고 연결된다는 점에서 화학식 V의 실시형태와 다르다. 화학식 IX의 실시형태는 일반적으로 하나 이상의 XTEN이 각각 도메인 사이보다는 FVIII의 도메인 내에 삽입되고/되거나, FVIII의 C 말단에 연결된(또는 FVIII의 C 말단에 스페이서 서열을 통해 연결된) XTEN을 갖는다는 점에서 다른 화학식의 실시형태와 다르다.

[0269] CFXTEN의 몇몇 실시형태에서, 융합 단백질은 B 도메인 결실이 전장 인간 VIII 인자 서열을 참조하여 약 745번 아미노산 잔기에서의 제1 위치로부터 시작하고 1635번 내지 약 1690번 아미노산 잔기에서의 제2 위치에서 종료하고, XTEN이 B 도메인 결실의 제1 위치 및 제2 위치를 연결하는 FVIII의 B 도메인 결실 형태를 포함한다. 상기의 일 실시형태에서, B 도메인 결실의 제1 위치 및 제2 위치는 표 8의 위치로부터 선택된다. 상기의 다른 실시형태에서, 적어도 하나의 XTEN은 제1 위치 및 제2 위치를 연결하고, 적어도 하나의 XTEN은 745번 아미노산 잔기 및 1640번 아미노산 잔기 또는 741번 아미노산 잔기 및 1640번 아미노산 잔기 또는 741번 아미노산 잔기 및 1690번 아미노산 잔기 또는 745번 아미노산 잔기 및 1667번 아미노산 잔기 또는 745번 아미노산 잔기 및 1657번 아미노산 잔기 또는 745번 아미노산 잔기 및 1657번 아미노산 잔기 또는 747번 아미노산 잔기 및 1642번 아미노산 잔기 또는 751번 아미노산 잔기 및 1667번 아미노산 잔기의 VIII 인자를 연결한다. VIII 인자가 이 문단의 실시형태에 기재된 B 도메인 결실의 제1 위치 및 제2 위치를 연결하는 XTEN을 포함하는 CFXTEN의 일 실시형태에서, XTEN은, 최적으로 정렬될 때, 표 4, 표 13, 표 14, 표 15, 표 16 및 표 17 중 어느 하나로부터 선택된 필적하는 길이의 서열과 비교하여 적어도 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 서열이고, CFXTEN은 네이티브 FVIII의 적어도 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90%의 응고촉진 활성을 보유한다.

[0270] 본 발명은, CFXTEN 조성물을 생성시키는, 표 12로부터 선택된 추가의 개열 서열을 통해 임의로 연결된, FVIII의 N 또는 C 말단에 대한 추가의 XTEN의 임의의 연결과 함께, FVIII의 도메인 사이의 또는 이 내의 또는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9의 삽입점에서 또는 이 근처에서 XTEN 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 것의 삽입의 모든 가능한 순열을 고려하고; 이의 비제한적인 예는 도 5 및 도 12에 도시되어 있다. 일 실시형태에서, CFXTEN은 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 서열 또는 이의 단편과 비교하여 각각 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 이상 서열 동일성을 갖는 하나 이상의 XTEN이 FVIII BDD 서열의 잔여 B 도메인 아미노산의 임의의 2개 사이에 삽입되어 단일 사슬 FVIII 융합 단백질을 생성시키는 표 1의 FVIII BDD 서열을 포함하고, CFXTEN은 네이티브 FVIII의 적어도 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90%의 응고촉진 활성을 보유한다. 상기 실시형태에서, CFXTEN은 융합 단백질의 N 또는 C 말단에 연결된 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나의 추가의 XTEN 서열을 가질 수 있다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 표 8에 기재된 자리에서 삽입된 적어도 제1 XTEN을 포함하고, CFXTEN은 네이티브 FVIII의 적어도 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90%의 응고촉진 활성을 보유한다. 화학식 VII의 융합 단백질의 일 실시형태에서, CFXTEN은 표 1의 FVIII BDD 서열을 포함하고, 여기서 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 서열 또는 이의 단편과 비교하여 각각 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 2개 이상의

XTEN은 FVIII-BDD 서열에 연결되고, 여기서 적어도 하나의 XTEN은 FVIII 개열 자리 아미노산 R740의 C 말단 측에 대해 약 3개 내지 약 20개의 아미노산 잔기 및 FVIII BDD 서열의 잔여 B 도메인 아미노산의 FVIII 개열 자리 아미노산 R1689의 N 말단 측에 대해 약 3개 내지 약 20개의 아미노산 잔기가 삽입되어, 단일 사슬 FVIII 융합 단백질을 생성시키고 1개 또는 2개의 XTEN이 FVIII-BDD 서열의 N 및/또는 C 말단에 대한 개열 서열에 의해 연결되고, 여기서 CFXTEN은 개열 서열의 개열에 의한 XTEN의 방출 후 네이티브 FVIII의 응고촉진 활성의 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90%를 나타낸다.

[0271] 일 실시형태에서, A3 도메인은 a3 산성 구역 또는 이의 부분을 포함한다. 다른 실시형태에서, 적어도 하나의 XTEN은 a3 산성 구역 또는 이의 부분, a3 산성 구역 또는 이의 부분의 N 말단, a3 산성 구역 또는 이의 부분의 C 말단 또는 이들의 조합 내에 삽입된다. 특정한 실시형태에서, 적어도 하나의 XTEN은 C2 도메인, C2 도메인의 N 말단, C2 도메인의 C 말단 또는 이들의 조합 내에 삽입된다. 또 다른 실시형태에서, VIII 인자는 B 도메인의 전부 또는 일부를 포함한다. 또 다른 실시형태에서, 적어도 하나의 XTEN은 B 도메인의 전부 또는 일부, B 도메인의 N 말단, B 도메인의 C 말단 또는 이들의 조합 내에 삽입된다.

[0272] 2. 내부 XTEN을 갖는 CFXTEN 융합 단백질 구성

[0273] 다른 양태에서, 본 발명은 FVIII 서열에 내부에 위치한 하나 이상의 XTEN 서열로 구성된 CFXTEN을 제공한다. 일 실시형태에서, 본 발명은 도입된 XTEN이 없는 FVIII과 비교하여 안정성 증가, 프로테아제에 대한 내성 증가, 청소 수용체 또는 FVIII 억제제와의 상호작용(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 청소 기전에 대한 내성 증가 및 친수화도 증가(이들로 제한되지는 않음)와 같은 특성을 부여하도록 FVIII 서열에 내부에 위치한 하나 이상의 XTEN 서열로 구성된 CFXTEN을 제공한다.

[0274] 본 발명은 FVIII의 상이한 구성 또는 서열 변이체가 하나 이상의 XTEN이 삽입된 플랫폼으로서 사용될 수 있다는 것을 고려한다. 이 구성은 네이티브 FVIII, FVIII BDD 및 단일 사슬 FVIII(scFVIII) 및 이 구성의 변이체를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. scFVIII의 경우, 본 발명은 FVIII의 처리 자리의 1개의 또는 다수의 아미노산의 대체에 의해 작제될 수 있는 CFXTEN을 제공한다. 일 실시형태에서, CFXTEN에서 사용되는 scFVIII은 FVIII 서열 RHQREITR(서열 번호 1698)에서의 R1648을 글라이신 또는 알라닌으로 대체하여 생성되어 이형이합체 형태로의 단백질분해 처리를 방지한다. 1648개의 FVIII 잔기를 갖는 본 명세서에 개시된 임의의 CFXTEN 실시형태가 1648번 위치에서 아르기닌에 대해 글라이신 또는 알라닌 치환을 가질 수 있는 것으로 구체적으로 고려된다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명은 R1648 처리 자리를 둘러싸는 서열의 일부가 도 10a 및 도 10b에 예시된 것처럼 XTEN으로 대체되는 scFVIII을 포함하는 CFXTEN을 제공한다. 일 실시형태에서, B 도메인의 적어도 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90% 또는 약 95% 또는 약 97% 이상은 하나 이상의 R740, R1648 또는 R1689 개열 자리를 포함하는 본 명세서에 개시된 XTEN 서열로 대체된다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 XTEN으로 대체된 R740 및 R1689에서의 FXIa 개열 자리 사이의 B 도메인의 FVIII 서열을 갖는다(적어도 1-5개의 인접한 B 도메인 아미노산은 또한 절단 자리 사이 및 XTEN의 개시를 보유하여 프로테아제가 절단 자리에 접근하는 것을 허용한다). 다른 실시형태에서, CFXTEN은 XTEN으로 대체된 N745 및 P1640에서 FXIa 개열 자리 사이의 B 도메인의 FVIII 서열을 갖는다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 B 도메인의 일부가 결실되지만 FXI R740 또는 R1689 활성화 자리(및 B 도메인의 1-5개의 인접한 아미노산)의 하나만인 작제물 내에 남은 CFXTEN FVIII BDD 서열 변이체를 제공하고, XTEN은 도 5b 및 도 5d에 예시된 바대로 FXIa에 의한 개열 후 1개의 말단에서 경쇄 또는 중쇄에 부착된 채 있는다. 상기의 일 실시형태에서, CFXTEN은 N745 내지 P1640 사이 또는 S743 내지 Q1638 사이 또는 P747 내지 V1642 사이 또는 N745 내지 Q1656 사이 또는 N745 내지 S1657 사이 또는 N745 내지 T1667 사이 또는 N745 내지 Q1686 사이 또는 R747 내지 V1642 사이 또는 T751 내지 T1667 사이의 아미노산이 결실되고 XTEN 서열이 이 아미노산 사이에 연결되어 중쇄 및 경쇄를 연결하는 FVIII BDD 서열을 포함하고, 외부 표면 루프에서, FVIII 도메인 사이에 또는 FVIII BDD 서열의 N 또는 C 말단에, 예컨대 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터의 하나 이상의 삽입 부위 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 것에 삽입된 추가의 XTEN을 추가로 포함할 수 있다. 상기의 다른 실시형태에서, CFXTEN은 K713 내지 Q1686 사이 또는 잔기 741 내지 1648 사이의 아미노산이 결실된 FVIII BDD 서열 및 2개의 아미노산 사이에 연결된 XTEN을 포함하고, 추가의 XTEN은 표면 루프에서, FVIII 도메인 사이에 또는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터의 하나 이상의 삽입 부위 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 것(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 FVIII BDD 서열의 N 또는 C 말단에 삽입될 수 있다. 몇몇 실시형태에서, 이러한 CFXTEN 서열은 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 XTEN 서열과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 96% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 나타내는 하나 이상의 XTEN을 가질 수 있다.

[0275] 본 발명은 다양한 구성의 내부 XTEN을 갖는 다른 CFXTEN을 고려하고; 예시적인 구성의 도식은 도 5 및 도 10에 예시되어 있다. XTEN 삽입 부위에 적합한 구역은 FVIII의 공지된 도메인 경계, 엑손 경계, X선 결정학 분석에 의해 확인된 공지된 표면 (외부) 루프 및 용매 접근 가능한 표면적 자리 및 FVIII의 분자 동적 모의로부터 유도된 구조 모델, 낮은 정도의 순서(도 7 범례에 기재된 프로그램에 의해 평가)를 갖는 구역, 상이한 종에 걸친 낮은 상동성/보존 결여의 구역 및 친수성 구역을 포함한다. 다른 실시형태에서, XTEN 삽입 부위는 FVIII 추정상 청소 수용체 결합 자리에 기초하여 선택된다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 A형 혈우병 돌연변이, 조사, 시험 및 자원 사이트(Haemophilia A Mutation, Search, Test and Resource Site: HAMSTeRS) 데이터베이스에 수록된 A형 혈우병에서 관련된 돌연변이와 매우 인접한 위치가 제거된 위치에서 삽입된 XTEN을 포함한다(Kemball-Cook G, et al. The factor VIII Structure and Mutation Resource Site: HAMSTeRS version 4. Nucleic Acids Res. (1998) 26(1):216-219]. 다른 실시형태에서, XTEN 삽입에 가능한 자리는 감작된 혈우병 환자에서 존재하는 항-FVIII 항체에 의해 결합될 수 있고, 그렇지 않으면 단백질 상호작용 자리로서 작용하지 않는 FVIII 에피토프 내의 잔기를 포함한다. XTEN 삽입 부위로서 배제에 고려되는 구역 및/또는 자리는 다른 응고 단백질을 포함하는 다양한 상호작용에서 중요한 VIII 인자의 잔기/구역, 프로테아제 트롬빈, Xa 인자, 활성화 단백질 C에 의해 작용하는 각각의 아르기닌 활성화/불활성화 개열 자리를 둘러싸는 잔기, 작제물이 신호 펩타이드를 포함하는 경우 신호 펩타이드 처리 자리를 둘러싸는 잔기(잔기 1), 다른 단백질, 예컨대 FIXa, FX/FXa, 트롬빈, 활성화 단백질 C, 단백질 C에 대한 단백질 S 보조인자, 폰빌레브란트 인자와 상호작용하는 것으로 공지된 구역, 응고 시 인지질 보조인자와 상호작용하는 것으로 공지된 자리, 도메인 상호작용에 관여하는 잔기, Ca^{++} 또는 Cu^{++} 이온을 배위시키는 잔기, S-S 분자간 결합에 관여하는 시스테인 잔기, 보고된 아미노산 삽입 및 응고촉진 활성에 영향을 미치는 A형 혈우병 피험체에서 제조된 FVIII에서의 점 돌연변이 자리 및 응고촉진 활성에 영향을 미치는 조사 실험실에서 제조된 FVIII에서의 성숙 자리. (반감기를 연장하기 위한) 삽입 또는 (소비된 FVIIIa 또는 FXa를 제거하는 데 필요한) 배제에 고려되는 자리는 헤파린 설페이트 프로테오글라이칸(HSPG) 또는 저밀도 지단백질 수용체 관련 단백질(LPR)과 상호작용하는 것으로 공지된 구역을 포함한다.

[0276] 상기 기준의 분석에 의해, 실시예 34에 기재된 바대로, FVIII BDD 서열에 걸친 상이한 삽입 부위 또는 삽입 부위 범위는 XTEN의 삽입에 대한 후보로서 확인되고/되거나 확증되고, 이의 비제한적인 예는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9에 기재되어 있고, 도 8 및 도 9에 도식적으로 도시되어 있다. 일 실시형태에서, CFXTEN은 FVIII의 개별 도메인 사이, 즉 A1 도메인과 A2 도메인 사이 또는 A2 도메인과 B 도메인 사이 또는 B 도메인과 A3 도메인 사이 또는 A3 도메인과 C1 도메인 사이 또는 C1 도메인과 C2 도메인 사이의 XTEN 삽입을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 B 도메인 내에 또는 BDD 서열의 잔여 잔기 사이에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, 엑손이 다른 단백질 서열의 맥락에서 높은 작용하는 확률을 갖는 진화 보존된 서열 모듈을 나타내므로, CFXTEN은 코딩 FVIII 유전자의 공지된 엑손 경계에서 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 FVIII의 x선 구조에 의해 확인된 표면 루프 내에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 X선 구조 분석에 의해 낮은 전자 밀도가 검출되거나 검출되지 않는 것으로 확인된 낮은 질서의 구역 내에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 FoldIndex, RONN 및 카이트 앤드 돌리틀(Kyte & Doolitlle) 알고리즘(이들로 제한되지는 않음)과 같은 구조 예측 알고리즘에 의해 예측된 낮은 질서의 구역 내에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 친수성 아미노산의 높은 빈도의 서열 구역 내에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 감작된 혈우병 환자에서 천연 발생 항-FVIII 항체에 의해 결합될 수 있는 에피토프 내에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 상이한 종으로부터의 FVIII 서열에 걸쳐 낮은 서열 보존 및/또는 서열 분절 길이의 차이의 서열 구역 내에 삽입된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 N 말단 및/또는 C 말단에 연결된 XTEN을 포함한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 상기 기재된 실시형태로부터의 2개 이상의 기준으로부터 선택된 삽입된 XTEN을 갖는 CFXTEN 구성을 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 적어도 1개, 대안적으로 적어도 2개, 대안적으로 적어도 3개, 대안적으로 적어도 4개, 대안적으로 적어도 5개 이상의 XTEN이 VIII 인자 서열로 삽입된 CFXTEN 구성을 제공하고, 삽입점은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9의 삽입 잔기 아미노산으로부터 선택된 적어도 1개, 2개, 3개, 4개 또는 5개 또는 6개 이상의 아미노산의 N 또는 C 말단 측 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 것에 또는 이 근처에 또는 대안적으로 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터의 삽입 잔기 아미노산의 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 또는 6개의 아미노산 내에 또는 도 9에서 예시적인 FVIII BDD 서열에 대해 도식적으로 도시된 삽입 잔기 아미노산의 다양한 범위 내에 있다.

[0277] 상기 기재된 바대로, 하나 이상의 내부에 위치한 XTEN 또는 XTEN의 단편은 6개 내지 1000개 이상의 아미노산 잔기의 서열 길이를 가질 수 있다. CFXTEN이 FVIII에 내부인 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 이상의

XTEN 서열을 갖는 몇몇 실시형태에서, XTEN 서열은 동일하거나 상이할 수 있다. 일 실시형태에서, 각각의 내부에 위치한 XTEN은, 최적으로 정렬될 때, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 XTEN 또는 모티프의 필적하는 길이 또는 단편과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 표 1의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 FVIII BDD 서열에 내부에 삽입된 하나 이상의 XTEN을 갖도록 구성된 CFXTEN을 제공하고, 삽입은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9, 도 8에 기재된 삽입점 또는 삽입점 범위에 또는 도 9에 예시된 삽입 범위 내에 위치한다. 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9의 삽입점에서 FVIII 서열 내에 삽입된 XTEN은 이의 N 및 C 말단에 의해 플랭킹 FVIII 아미노산에 (또는 상기 기재된 바대로 연결 스페이서 또는 개열 서열을 통해) 연결되고, FVIII의 N 또는 C 말단에 연결된 XTEN이 단일 FVIII 아미노산에(또는 상기 기재된 바대로 연결 스페이서 또는 개열 서열 아미노산에) 오직 연결된다는 것을 당해 분야의 당업자는 이해할 것이다. 예의 방식으로, 3개의 내부 XTEN을 갖는 CFXTEN의 변이는 741번과 1640번 사이의 FVIII BDD 잔기, 18번과 19번 사이의 잔기 및 1656번과 1657번 사이의 잔기에 편입된 (본 명세서에 기재된) XTEN; 또는 741번과 1640번 사이의 FVIII BDD 잔기, 1900번과 1901번 사이의 잔기 및 2332번 잔기에서의 C 말단에 편입된 XTEN; 또는 26번과 27번 사이의 FVIII BDD 잔기, 1656번과 1657번 사이의 잔기 및 1900번과 1901번 사이의 잔기에 편입된 XTEN; 또는 741번과 1640번 사이의 FVIII BDD 잔기, 1900번과 1901번 사이의 잔기 및 2332번 잔기에서의 C 말단에 편입된 XTEN을 갖는다.

[0278] XTEN이 표 5로부터의 위치에 삽입된 CFXTEN 융합 단백질을 평가하는 데 있어서, FVIII 서열의 특정한 구역에서의 삽입이 우수한 발현 및 응고촉진 활성의 보유를 갖는 CFXTEN을 생성한다는 것이 발견되었다. 따라서, 바람직한 실시형태에서, 본 발명은 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 또는 6개 이상의 XTEN을 갖도록 구성된 CFXTEN 융합 단백질을 제공하고, 각각 표 1의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 FVIII BDD 서열에 연결되거나 내부에 삽입된 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 XTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖고, 삽입은 표 7에 기재된 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 또는 6개 이상의 범위 내의 삽입점에 위치한다. 상기 실시형태에서, XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 응고촉진 활성의 적어도 약 10%, 20%, 30%, 40%, 50%, 60%, 70%, 80% 또는 90% 이상을 보유한다.

[0279] XTEN이 표 5로부터의 하나 이상의 위치에서 삽입된 CFXTEN 융합 단백질을 평가하는 데 있어서, XTEN 삽입을 갖는 높은 백분율의 융합 단백질이 실시예 25에 기재된 바대로 응고촉진 활성을 보유한다는 것이 놀랍게도 발견되었다. 따라서, 본 발명은 1개, 2개, 3개, 4개, 5개, 6개 이상의 XTEN으로 구성된 CFXTEN 융합 단백질을 제공하고, 생성된 융합 단백질은 본 명세서에 기재된 응고 검정에 의해 평가할 때 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 10% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 또는 80% 또는 90% 이상의 응고촉진 활성을 나타낸다. 바람직한 실시형태에서, 본 발명은 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 또는 6개 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질을 제공하고, 각각 표 1의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 FVIII BDD 서열에 연결된 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 XTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖고, 삽입은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 하나 이상의 삽입점에 위치하고, 생성된 융합 단백질은 본 명세서에 기재된 검정(예를 들면, 발색 검정)에 의해 *실험실내* 평가할 때 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 이상의 응고촉진 활성을 나타낸다. 당해 CFXTEN 융합 단백질은 통상적으로 네이티브 FVIII과 비교하여 증가한 종료 반감기를 나타내므로, 등몰량의 네이티브 FVIII에 비해 응고촉진 활성이 더 낮은 CFXTEN이 이를 필요로 하는 피험체에게 치료학적 조성물로서 투여될 때 그럼에도 불구하고 허용된다는 것을 당해 분야의 당업자는 이해할 것이다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 이상의 XTEN을 포함하고, 각각 표 1의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는 FVIII BDD 서열에 연결된 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 XTEN과

비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 대안적으로 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖고, 삽입은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 하나 이상의 삽입점 또는 삽입점 범위에 위치하고, 생성된 융합 단백질은 세포 배양 배지에서 발현되고 발색 검정에서 평가될 때 적어도 약 0.5IU/㎖ 또는 적어도 약 0.75IU/㎖ 또는 적어도 약 1.0IU/㎖ 또는 적어도 약 1.5IU/㎖ 또는 적어도 약 2.0IU/㎖ 또는 적어도 약 2.5IU/㎖ 또는 적어도 약 3IU/㎖ 또는 적어도 약 4IU/㎖ 또는 적어도 약 5IU/㎖ 또는 적어도 약 7IU/㎖ 또는 적어도 약 10IU/㎖ 또는 적어도 약 20IU/㎖ 또는 적어도 약 30IU/㎖의 FVIII 활성을 나타내고, 배양 및 발현은 본 명세서에 기재된 방법; 예를 들면 실시예 25의 방법에 따른다.

[0280] FVIII이 이의 응고촉진 활성의 적어도 일부를 보유하는 삽입 부위의 발견은 하나 이상의 이 동일한 자리에서 FVIII 단백질에 융합될 때 반감기 연장과 관련된 비구조화 또는 구조화 특성을 갖는 다른 펩타이드 및 폴리펩타이드의 삽입을 또한 허용한다고 생각된다. 비제한적인 예는 무엇보다도 알부민, 알부민 단편, 면역글로불린의 Fc 단편, 인간 융모성 생식선자극호르몬의 C 말단 펩타이드(CTP)의 β 아단위, HAP 서열, 트랜스페린, 미국 특허 출원 제20100292130호의 PAS 폴리펩타이드, 폴리글라이신 링커, 폴리세린 링커, 펩타이드 및 FVIII의 확인된 활성 삽입 부위에서 삽입에 적합한 50% 미만 내지 50% 초과의 다양한 정도의 2차 구조를 갖는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 2종의 아미노산의 6-40개의 아미노산의 짧은 폴리펩타이드를 포함한다.

[0281] 본 명세서에 기재된 융합 단백질 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 표 12로부터의 하나 이상의 개열 서열 또는 당해 분야에 공지된 다른 서열을 추가로 포함할 수 있고, 개열 서열은 소정의 내부 XTEN 서열에서 2개의 개열 서열을 포함할 수 있는 XTEN 서열 및 FVIII의 교차의 6개의 아미노산 잔기 사이에 또는 내에 위치한다. 일 실시형태에서, 개열 서열을 포함하는 CFXTEN은 각각 하나 이상의 내부 XTEN의 각각의 말단에 또는 그 근처에 위치하여, 서열에 결합하여 이를 개열시키는 프로테아제에 의해 개열될 때, XTEN이 융합 단백질로부터 방출되는 2개의 동일한 개열 서열을 갖는다. 개열될 수 있는 서열은 하기 더 자세히 기재되어 있고, 예시적인 서열은 표 12에 제공된다.

표 5

FVIII BDD 서열에 연결된 XTEN 에 대한 삽입 위치

번호	XTEN 삽입 지점	삽입 잔기	FVIII BDD 하류 서열	FVIII 도메인
1	0	(N 말단)	ATR	A1
2	3	R	RYY	A1
3	17	M	QSD	A1
4	18	Q	SDL	A1
5	22	G	ELP	A1
6	24	L	PVD	A1
7	26	V	DAR	A1
8	28	A	RFP	A1
9	32	P	RVP	A1
10	38	F	PFN	A1
11	40	F	NTS	A1
12	41	N	TSV	A1
13	60	N	IAK	A1
14	61	I	AKP	A1
15	65	R	PPW	A1
16	81	Y	DTV	A1
17	111	G	AEY	A1
18	116	D	QTS	A1
19	119	S	QRE	A1
20	120	Q	REK	A1
21	128	V	FPG	A1
22	129	F	PGG	A1
23	130	P	GGS	A1
24	182	G	SLA	A1
25	185	A	KEK	A1
26	188	K	TQT	A1
27	205	G	KSW	A1
28	210	S	ETK	A1
29	211	E	TKN	A1
30	216	L	MQD	A1
31	220	R	DAA	A1
32	222	A	ASA	A1
33	223	A	SAR	A1
34	224	S	ARA	A1
35	230	K	MHT	A1
36	243	P	GLI	A1
37	244	G	LIG	A1
38	250	R	KSV	A1
39	318	D	GME	A1
40	333	P	QLR	A1
42	334	Q	LRM	A1
43	336	R	MKN	a1
44	339	N	NEE	a1
45	345	D	YDD	a1
46	357	V	VRF	a1
47	367	S	FIQ	a1
48	370	S	RPY	a1
49	375	A	KKH	A2
50	376	K	KHP	A2
51	378	H	PKT	A2
52	399	V	LAP	A2
53	403	D	DRS	A2
54	405	R	SYK	A2

[0282]

번호	XTEN 삽입 지점	삽입 잔기	FVIII BDD 하류 서열	FVIII 도메인
55	409	S	QYL	A2
56	416	P	QRI	A2
57	434	E	TFK	A2
58	438	T	REA	A2
59	441	A	IQH	A2
60	442	I	QHE	A2
61	463	I	IFK	A2
62	487	Y	SRR	A2
63	490	R	LPK	A2
64	492	P	KGV	A2
65	493	K	GVK	A2
66	494	G	VKH	A2
67	500	D	FPI	A2
68	506	G	EIF	A2
69	518	E	DGP	A2
70	556	K	ESV	A2
71	565	Q	IMS	A2
72	566	I	MSD	A2
73	598	P	AGV	A2
74	599	A	GVQ	A2
75	603	L	EDP	A2
76	616	S	ING	A2
77	686	G	LWI	A2
78	713	K	NTG	A2
79	719	Y	EDS	A2
80	730	L	LSK	A2
81	733	K	NNA	A2
82	745	N	PPV	B
83	1640	P	PVL	B
84	1652	R	TTL	B
85	1656	Q	SDQ	A3
86	1685	N	QSP	A3
87	1711	M	SSS	A3
88	1713	S	SPH	A3
89	1720	N	RAQ	A3
90	1724	S	GSV	A3
91	1725	G	SVP	A3
92	1726	S	VPQ	A3
93	1741	G	SFT	A3
94	1744	T	QPL	A3
95	1749	R	GEL	A3
96	1773	V	TFR	A3
97	1792	Y	EED	A3
98	1793	E	EDQ	A3
99	1796	Q	RQG	A3
100	1798	Q	GAE	A3
101	1799	G	AEP	A3
102	1802	P	RKN	A3
103	1803	R	KNF	A3
104	1807	V	KPN	A3
105	1808	K	PNE	A3
106	1827	K	DEF	A3
107	1844	E	KDV	A3
108	1861	N	TLN	A3

[0283]

번호	XTEN 삽입 지점	삽입 잔기	FVIII BDD 하류 서열	FVIII 도메인
109	1863	L	NPA	A3
110	1896	E	RNC	A3
111	1900	R	APC	A3
112	1904	N	IQM	A3
113	1905	I	QME	A3
114	1910	P	TFK	A3
115	1920	A	ING	A3
116	1937	D	QRI	A3
117	1981	G	VFE	A3
118	2019	N	KCQ	A3
119	2020	K	CQT	C1
120	2044	G	QWA	C1
121	2068	F	SWI	C1
122	2073	V	DLL	C1
123	2090	R	QKF	C1
124	2092	K	FSS	C1
125	2093	F	SSL	C1
126	2111	K	WQT	C1
127	2115	Y	RGN	C1
128	2120	T	GTL	C1
129	2125	V	FFG	C1
130	2171	L	NSC	C1
131	2173	S	CSM	C2
132	2188	A	QIT	C2
133	2223	V	NNP	C2
134	2224	N	NPK	C2
135	2227	K	EWL	C2
136	2268	G	HQW	C2
137	2277	N	GKV	C2
138	2278	G	KVK	C2
139	2290	F	TPV	C2
140	2332	Y	FVIII의 C 말단	CT

[0284]

[0285] 성숙 전장 인간 FVIII의 아미노산 수에 기초하여 XTEN을 나타내고, 삽입은 746-1639번 결실을 갖는 FVIII BDD에서 표시된 아미노산 하류 서열의 N 또는 C 말단에 있을 수 있다.

표 6

FVIII 폴리펩타이드에 연결된 XTEN 에 대한 예시적인 삽입 위치

번호	XTEN 삽입 지점	삽입 잔기	FVIII BDD 하류 서열	FVIII 도메인	삽입 잔기로부터의 거리
9	32	P	RVP	A1	-3, +6
31	220	R	DAA	A1	-
34	224	S	ARA	A1	+5
43	336	R	MKN	a1	-1, +6
44	339	N	NEE	a1	-4, +5
52	399	V	LAP	A2	-6, +3
56	416	P	QRI	A2	+6
75	603	L	EDP	A2	_6, +6
85	1656	Q	SDQ	B	-3, +6
87	1711	M	SSS	A3	-6, +1
91	1725	G	SVP	A3	+6
113	1905	I	QME	A3	+6
114	1910	P	TFK	A3	-5, +6

[0286]

[0287] 삽입 잔기로부터의 거리는 삽입이 이루어질 수 있는 지정된 삽입 잔기("0"번 잔기)의 N 말단(음수) 또는 C 말단(양수)으로부터의 아미노산의 상대 수를 의미한다. "-x" 지칭은 지정된 삽입 잔기의 N 말단 측에 멀리 x 아미노산이 있는 삽입 부위를 의미한다. 유사하게, "+x" 지칭은 지정된 삽입 잔기의 C 말단 측에 멀리 x 아미노산이 있는 삽입 부위를 의미한다.

[0288] 예를 들면 "-1, +2"는 -1, 0, +1 또는 +2로 표시된 아미노산 잔기의 N 말단 또는 C 말단에서 삽입이 이루어진다

는 것을 의미한다.

표 7

FVIII 폴리펩타이드에 연결된 XTEN 에 대한 추가의 예시적인 삽입 위치

번호	XTEN 삽입 지점 범위	제 1 삽입 잔기	FVIII 도메인
3	18-32	Q	A1
8	40	F	A1
18	211-224	E	A1
27	336-403	R	A1, A2
43	599	A	A2
47	745-1640	N	B
50	1656-1728	Q	B, A3
57	1796-1804	R	A3
65	1900-1912	R	A3
81	2171-2332	L	C1, C2

[0289]

[0290] 성숙 인간 FVIII의 아미노산 수에 대해 넘버링된 삽입 부위의 범위를 나타낸다.

표 8

FVIII 폴리펩타이드의 B 도메인 결실 변이체 내의 예시적인 XTEN 삽입 위치

XTEN 삽입 지점 범위	제 1 삽입 잔기	제 2 삽입 잔기
740-1640	R	P
740-1690	R	S
741-1648	S	R
743-1638	S	Q
745-1638	N	Q
745-1640	N	P
745-1656	N	Q
745-1657	N	S
745-1667	N	T
745-1686	N	Q
747-1642	R	V
751-1667	T	T

[0291]

[0292] B 도메인 결실 변이체 및 인접한 A3 도메인 내에 연결된 아미노산을 나타내고, 아미노산은 성숙 인간 FVIII의 아미노산 수에 대해 넘버링된다.

[0293] BDD-FVIII에 삽입된 XTEN에 의해 연결된 아미노산을 나타낸다.

표 9

응혈 촉진 활성을 발생시키는 FVIII 폴리펩타이드에 연결된 XTEN 에 대한 예시적인

번호	XTEN 삽입 지점	삽입 잔기	FVIII BDD 하류 서열	FVIII 도메인
2	3	R	RYY	A1
4	18	Q	SDL	A1
5	22	G	ELP	A1
7	26	V	DAR	A1
9	32	P	RVP	A1
11	40	F	NTS	A1
18	116	D	QTS	A1
19	119	S	QRE	A1
26	188	K	TQT	A1
29	211	E	TKN	A1
30	216	L	MQD	A1
31	220	R	DAA	A1
34	224	S	ARA	A1
35	230	K	MHT	A1
40	333	P	QLR	A1
43	336	R	MKN	a1
44	339	N	NEE	a1
52	399	V	LAP	A2
53	403	D	DRS	A2
55	409	S	QYL	A2
56	416	P	QRI	A2
60	442	I	QHE	A2
62	487	Y	SRR	A2
63	490	R	LPK	A2
66	494	G	VKH	A2
69	518	E	DGP	A2
74	599	A	GVQ	A2
75	603	L	EDP	A2
78	713	K	NTG	A2
82	745	N	PPV	B
85	1656	Q	SDQ	A3
87	1711	M	SSS	A3
89	1720	N	RAQ	A3
91	1725	G	SVP	A3
99	1796	Q	RQG	A3
102	1802	P	RKN	A3
110	1896	E	RNC	A3
111	1900	R	APC	A3
112	1904	N	IQM	A3
113	1905	I	QME	A3
114	1910	P	TFK	A3
121	2068	F	SWI	C1
130	2171	L	NSC	C1
135	2227	K	EWL	C2
137	2277	N	GKV	C2
140	2332	Y	FVIII 의 C 말단	C2

746 내지 1639번의 결실을 갖는 FVIII BDD 에서의 하류 서열

[0294]

[0295] 다른 양태에서, 본 발명은 FVIII 분절을 코딩하는 뉴클레오타이드로부터 유도된 라이브러리를 생성하기 위한 성분의 라이브러리 및 방법을 제공하고, XTEN 및 FVIII 분절은 당해 CFXTEN을 코딩하는 유전자의 제조에서 유용한 XTEN에 연결된다. 제1 단계에서, 표 5에 표시되거나 도 8 내지 도 9에 예시된 삽입 부위의 1 내지 6개의 아미노산에서의 또는 이 내의 다양한 단일 자리로 삽입된 FVIII 및 XTEN을 코딩하는 유전자의 라이브러리가 생성되고, 발현되고, CFXTEN이 회수되고 도 15에 예시된 활성 및 약동학에 대해 활성 및 약동학이 평가된다. 이후, 증대된 특성을 나타내는 이 CFXTEN이 사용되어 FVIII 분절 및 삽입 부위와 XTEN을 코딩하는 유전자를 생성하고, 각각의 증대된 삽입으로부터의 성분은 도 11에 예시된 바대로 라이브러리에서 표시된다. 일 실시형태에서, 라이브러리 성분은 도 11에 예시된 바대로 조합 방식으로 표준 재조합 기법을 이용하여 어셈블링되어, 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9에 기재되거나 도 8 내지 도 9에 예시된 것의 또는 이에 근접한 삽입 부위를 포함할 수 있는 다수의 내부 및 N 및 C 말단 XTEN을 갖는 CFXTEN의 조숙을 발생시킨다. 이후, 생성된 작제물은 활성 및 증대된 약동

학에 평가되고, XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여, 예를 들면 능동 청소 감소, 프로테아제에 대한 내성, 면역원성 감소 및 약동학 증대와 같은 특성이 증대된 CFXTEN을 생성시키는 이 후보물질은 추가로 평가된다.

[0296] 3. XTEN 허용성 루프

[0297] 본 명세서에 어딘가에 자세히 기재되고, 도 33-36에 예시된 것처럼, 본 발명자들은 각각의 FVIII "A" 도메인이 재조합 단백질의 응고촉진 활성 또는 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현시키고자 하는 재조합 단백질의 능력을 제거함이 없이 XTEN 서열이 삽입될 수 있는 적어도 2개의 "XTEN 허용성 루프"를 포함하는 것으로 인식한다. 본 발명자들은, 다른 속성들 중에서, 높은 표면 또는 용매 노출 및 높은 입체구성 융통성을 갖는 구역으로서 XTEN 허용성 루프를 확인하였다. A1 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A1-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A1-2) 구역을 포함하고, A2 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A2-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A2-2) 구역을 포함하고, A3 도메인은 XTEN 허용성 루프-1(A3-1) 구역 및 XTEN 허용성 루프-2(A3-2) 구역을 포함한다.

[0298] 특정한 양태에서, 상기 기재된 재조합 FVIII 단백질은 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 또는 A3-2의 XTEN 허용성 루프 중 적어도 하나에 삽입된 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함하고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 특정한 양태에서, 상기 기재된 재조합 FVIII 단백질은 FVIII, 예를 들면 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 또는 A3-2의 2개의 상이한 XTEN 허용성 루프로 삽입된 적어도 2개의 XTEN 서열을 포함하고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 대안적으로, 상기 기재된 재조합 FVIII 단백질은 다른 XTEN 허용성 루프에 삽입된 XTEN 서열과 함께 또는 이것 없이 단일 XTEN 허용성 루프로 삽입된 2개 이상의 XTEN 서열을 포함할 수 있고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 특정한 양태에서, 상기 기재된 재조합 FVIII 단백질은 상기 기재된 적어도 하나의 XTEN 허용성 루프에 삽입된 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함할 수 있고 a3으로 삽입된 하나 이상의 XTEN 서열을 추가로 포함할 수 있고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 특정한 양태에서, 본 발명의 재조합 FVIII 단백질은 하나 이상의 XTEN 허용성 루프 또는 a3으로 삽입된 3개, 4개, 5개, 6개 이상의 XTEN 서열을 포함할 수 있고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다.

[0299] 특정한 양태에서, 상기 기재된 재조합 FVIII 단백질은 a3으로 삽입된 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함하고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 특정한 양태에서, 본 발명의 재조합 FVIII 단백질은 a3으로 삽입된 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함하고 상기 기재된 하나 이상의 XTEN 허용성 루프에 삽입된 하나 이상의 XTEN 서열을 추가로 포함하고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다.

[0300] 본 발명자들은 본 발명의 재조합 FVIII 단백질이 응고촉진 활성을 가지면서 숙주 세포에 의해 생체내 또는 실험실내 여전히 발현될 수 있는 XTEN 서열의 삽입을 허용하는 각각의 FVIII A 도메인 구역에서의 적어도 2개의 XTEN 허용성 루프를 포함한다는 것을 인식하였다. 다양한 해상도의 FVIII의 다양한 결정 구조가 결정되었다. X선 결정학 및 분자 동적 모의에 의해 결정된 FVIII 및 FVIIIa의 구조는 FVIII에 대한 접근 가능한 표면적 및 입체구성 융통성의 모델을 생성하도록 이용되었다. 예를 들면, 인간 FVIII의 결정 구조는 쉔(Shen) 등에 의해 결정되었다[Blood 111: 1240-1247 (2008) 및 Ngo et al. Structure 16: 597-606 (2008)]. 이 구조에 대한 데이터는 각각 수탁 번호 2R7E 및 3CDZ 하에 단백질 데이터 뱅크(pdb.org)로부터 입수 가능하다.

[0301] 쉔 등의 결정 구조에 따른 인간 FVIII의 중쇄 및 경쇄의 예측된 2차 구조는 도 37A 및 37B에 재생산된다. 쉔 등의 결정 구조로부터 예측된 다양한 베타 스트랜드는 도 8A 및 8B에서 연속하여 넘버링된다. 특정한 실시형태에서, A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 및 A3-2의 XTEN 허용성 루프는 FVIII의 A 도메인에서 표면 노출된 가요성 루프 구조 내에 포함된다. 도 8A 및 도 8B에 도시된 바대로 PDB 데이터베이스의 수탁 번호 2R7E(PDB:2R7E)로서 저장된 성숙 FVIII의 2차 구조에 따라, A1-1은 베타 스트랜드 1과 베타 스트랜드 2 사이에 위치하고, A1-2는 베타 스트랜드 11과 베타 스트랜드 12 사이에 위치하고, A2-1은 베타 스트랜드 22와 베타 스트랜드 23 사이에 위치하고, A2-2는 베타 스트랜드 32와 베타 스트랜드 33 사이에 위치하고, A3-1은 베타 스트랜드 38과 베타 스트랜드 39 사이에 위치하고, A3-2는 베타 스트랜드 45와 베타 스트랜드 46 사이에 위치한다. 도 8A 및 도 8B에 도시된 PDB 수탁 번호 2R7E의 2차 구조는 DSSP 프로그램(Kabsch and Sander, Biopolymers, 22:2577-2637 (1983))에 따른 정규화 2차 구조 배정에 상응한다. PDB 수탁 번호 2R7E로서 저장된 성숙 FVIII의 DSSP 2차 구조는 월드 와이드 웹사이트 swift.cmbi.ru.nl/gv/dssp/(최근 2012년 2월 9일 업데이트)(Joosten et al., 39 (별첨 1): D411-D419 (2010))에서 입수 가능한 DSSP 데이터베이스에서 접근 가능할 수 있다.

[0302] 특정한 양태에서, A1-1을 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 도 30의 약 15번 아미노산 내지 약 45번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A1-1은 도 30의 약 18번 아미노산 내지 약 41번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A1-2를 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 도 30의 약 201번 아미노산 내지 약 232번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A1-2는 도 30의 약 218번 아미노산 내지 약 229번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A2-1을 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 도 30의 약 395번 아미노산 내지 약 421번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A2-1은 도 30의 약 397번 아미노산 내지 약 418번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A2-2를 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 도 30의 약 577번 아미노산 내지 약 635번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A2-2는 도 30의 약 595번 아미노산 내지 약 607번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A3-1을 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 도 30의 약 1705번 아미노산 내지 약 1732번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A3-1은 도 30의 약 1711번 아미노산 내지 약 1725번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A3-2를 포함하는 표면 노출된 가요성 루프 구조는 도 3의 약 1884번 아미노산 내지 약 1917번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다. 특정한 양태에서, A3-2는 도 30의 약 1899번 아미노산 내지 약 1911번 아미노산으로부터의 네이티브 성숙 인간 FVIII에서의 구역에 상응한다.

[0303] 특정한 양태에서, 본 발명의 재조합 FVIII 단백질은 FVIII의 하나 이상의 XTEN 허용성 루프 또는 a3 구역으로 삽입된 하나 이상의 XTEN 서열을 포함하고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 삽입하고자 하는 XTEN 서열은 FVIII의 생체내 또는 실험실내 안정성 또는 생체내 반감기를 증가시키는 것을 포함한다.

[0304] 특정한 양태에서, 본 발명의 재조합 FVIII 단백질은 본 명세서에 기재된 FVIII의 BDD-변이체에서의 상응하는 삽입을 포함하여 도 30의 18번 아미노산, 도 30의 26번 아미노산, 도 30의 40번 아미노산, 도 30의 220번 아미노산, 도 30의 224번 아미노산, 도 30의 399번 아미노산, 도 30의 403번 아미노산, 도 30의 599번 아미노산, 도 30의 603번 아미노산, 도 30의 1711번 아미노산, 도 30의 1720번 아미노산, 도 30의 1725번 아미노산, 도 30의 1900번 아미노산, 도 30의 1905번 아미노산, 도 30의 1910번 아미노산 또는 임의의 이들의 조합(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 성숙 네이티브 인간 FVIII에서의 하나 이상의 아미노산에 상응하는 하나 이상의 아미노산의 바로 하류에 삽입된 XTEN 서열을 포함한다.

[0305] 특정한 양태에서, 본 발명의 재조합 FVIII 단백질은, 단독으로 또는 A 도메인(예를 들면, 상기 기재된 A1-1, A1-2, A2-1, A2-2, A3-1 또는 A3-2)의 XTEN 허용성 루프로 삽입되는 하나 이상의 XTEN 서열과 조합되어, FVIII의 a3 구역으로 삽입된 적어도 하나의 XTEN 서열을 포함하고, 재조합 FVIII 단백질은 응고촉진 활성을 갖고 숙주 세포에서 생체내 또는 실험실내 발현될 수 있다. 특정한 양태에서, 적어도 하나의 XTEN 서열은 도 30의 1656번 아미노산에 상응하는 아미노산의 바로 하류에 a3 구역으로 삽입된다. 특정한 양태에서, 본 발명의 재조합 FVIII 단백질은 기재된 a3 구역으로 삽입된 XTEN 서열을 포함하고, 도 30의 18번 아미노산, 도 30의 26번 아미노산, 도 30의 40번 아미노산, 도 30의 220번 아미노산, 도 30의 224번 아미노산, 도 30의 399번 아미노산, 도 30의 403번 아미노산, 도 30의 599번 아미노산, 도 30의 603번 아미노산, 도 30의 1711번 아미노산, 도 30의 1720번 아미노산, 도 30의 1725번 아미노산, 도 30의 1900번 아미노산, 도 30의 1905번 아미노산, 도 30의 1910번 아미노산 또는 임의의 이들의 조합(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 성숙 네이티브 인간 FVIII에서의 하나 이상의 아미노산에 상응하는 하나 이상의 아미노산의 바로 하류에 삽입된 XTEN 서열을 추가로 포함한다.

[0306] 비상동 단백질이 삽입될 수 있는 네이티브 FVIII 단백질의 허용성 루프의 상기 양태가 본 명세서에 기재된 B 도메인 결실 FVIII 변이체; 예를 들면 표 1에 기재된 서열에 또한 적용 가능하다는 것을 당해 분야의 당업자는 이해할 것이다. 본 발명의 실행 시, 표 1의 BDD-FVIII 서열은 상기 기재된 다양한 실시형태의 재조합 FVIII 단백질에 대해 치환될 수 있는 것으로 이해되고, 생성된 작제물이 응고촉진 활성을 유사하게 보유한다고 생각된다.

[0307] 4. FVIII 결합제의 의한 간섭

[0308] 본 발명의 목적은 응고장애, 예컨대 A형 혈우병으로 고생하고 네이티브 또는 획득 항체, 억제제 또는 CFXTEN 융합 단백질의 활성 또는 반감기에 영향을 미치는 FVIII에 결합하는 다른 단백질 또는 분자를 갖는 인간 환자에서

사용하기 위한 응고촉진 CFXTEN 융합 단백질 조성물을 제공하는 것이고, CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 더 큰 양의 응고촉진 활성을 보유한다. 본 명세서에 사용되는 "FVIII 결합제"는, 네이티브이든, 유래되든 또는 재조합으로 제조되든, VIII 인자 또는 이의 단편을 포함하는 본 발명의 재조합 VIII 인자 융합 단백질 또는 네이티브 FVIII에 결합할 수 있는 임의의 분자를 의미한다. FVIII 결합제가 FVIII에 특이적으로 결합할 수 있는 다른 단백질 중에서 항-FVIII 항체 및 FVIII 억제제를 포함하는 것으로 구체적으로 고려된다. 일 양태에서, 본 발명은 FVIII의 응고촉진 활성과 간섭하는 항-FVIII 항체 또는 FVIII 억제제에 대한 결합 감소를 나타내는 응고촉진 CFXTEN 융합 단백질을 제공한다. 본 명세서에 사용되는 "항-FVIII 항체" 또는 "항-VIII 인자 항체"는 본 발명의 CFXTEN의 FVIII 또는 FVIII 성분에 결합할 수 있는 항체를 의미하고, 상기 항체는 표 10의 항체 또는 FVIII 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자로부터의 다중클론 항체를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 용어 항체는 단일후보 항체, 다중클론 항체, 항체 단편 및 항체 단편 클론을 포함한다. 본 명세서에 사용되는 "FVIII 억제제" 또는 "항-FVIII 억제제 항체"는 본 발명의 CFXTEN의 FVIII 또는 FVIII 성분에 결합할 수 있고 임의의 수단으로 CFXTEN의 FVIII 또는 FVIII 성분의 응고촉진 활성을 감소시키는 항체를 의미한다. 다른 양태에서, 본 발명은 FVIII 억제제의 존재 하에 응고촉진 활성을 보유하는 CFXTEN 융합 단백질을 제공한다. 다른 양태에서, 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 FVIII 결합제의 존재 하에 종료 반감기 증가를 나타내는 FVIII을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질을 제공한다.

[0309] 인간 VIII 인자에 대한 대부분의 억제 항체는 VIII 인자의 A2 도메인 또는 C2 도메인에 위치한 에피토프에 결합하여, 이 도메인과 관련된 특이적 작용을 파괴하도록 작용한다(미국 특허 제6,770,744호; Fulcher et al. Localization of human factor FVIII inhibitor epitopes 내지 two polypeptide fragments. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1985) 82:7728-7732; Scandella et al. Epitope mapping of human factor VIII inhibitor antibodies by deletion analysis of fVIII fragments expressed in Escherichia coli. Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1988) 85:6152-6156). 억제 항체의 68%는 A2 및/또는 C2 도메인에 관한 것으로 보고되어 있지만, 3%는 A1 도메인에 대해 작용하고 46%는 a3 산성 구역에 대해 작용한다(Lavigne-Lissalde, G., et al. Characteristics, mechanisms of action, and epitope mapping of anti-factor VIII antibodies. Clin Rev Allergy Immunol (2009) 37:67-79). 예를 들면, 특정한 중쇄 특이적 억제제는 A2 도메인의 18.3kD 아미노 말단 분절과 반응한다(Scandella D, et al. 1988); Lollar P et al. Inhibition of human factor VIIIa by anti-A2 subunit antibodies. J Clin Invest 1994;93:2497). FVIII은 2302번과 2332번 아미노산 사이의 C2 도메인에서의 인지질 결합 자리를 포함하고, A3 도메인에서 1649-1689번 아미노산과 함께 작용하는 C2 도메인에서의 폰빌레브란트 인자 결합 자리가 또한 존재한다. C2 도메인은 또한, 억제제에 의해 결합될 때, 트롬빈 또는 Xa 인자에 의한 FVIII의 활성화를 차단하는 에피토프를 갖는다. 경쇄에 특이적으로 결합하는 억제제는 A3 도메인에서의 에피토프 또는 C2 도메인에서의 주요 항원 구역을 인식하고, 인지질에 대한 FVIII의 결합을 방지함으로써 또는 폰빌레브란트 인자로부터 FVIII의 분해 속도를 감소시킴으로써 응고촉진 활성을 감소시킬 수 있다(Gilles JG, et al. Anti-factor VIII antibodies of hemophiliac patients are frequently directed towards nonfunctional determinants and do not exhibit isotypic restriction. Blood (1993) 82:2452; Shima M, et al. A factor VIII neutralizing monoclonal antibody and a human inhibitor alloantibody recognizing epitopes in the C2 domain inhibit factor VIII binding to von Willebrand factor and to phosphatidylserine. Thromb Haemost (1993) 69:240). 단일후보 FVIII 억제제의 비제한적인 예는 표 9에 기재되어 있다. 고 역가 억제제를 갖는 환자에서, 특정 관절에서 재발성 출혈을 발생시킬 위험이 증가하여, 궁극적으로 삶의 질 감소, 불구 또는 과도한 혈액 손실로부터의 사망을 발생시킬 수 있다(미국 특허 출원 제20120065077호; Zhang et al., Clinic. Rev. Allerg. Immunol., 37:114-124 (2009); Gouw and van den Berg, Semin. Thromb. Hemost., 35:723-734 (2009)).

[0310] 임의의 특정한 이론에 구속되고자 의도함이 없이, CFXTEN 융합 단백질로 편입된 XTEN의 비구조화 특성은 XTEN이 억제제에 대한 입체 장애를 발생시키는 입체구성을 채용하도록 하고, 그렇지 않으면 이 억제제는 FVIII 에피토프에 결합하는 것으로 생각된다. 도 6에 예시된 것처럼, 도입된 XTEN이 다양한 무작위 코일 입체구성을 취함으로써, 이는 융합 단백질의 FVIII 성분의 구역을 공간상 커버하고, FVIII 에피토프에 결합하는 억제제의 능력을 입체적으로 방해하다.

[0311] 일 실시형태에서, 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자 및/또는 네이티브 FVIII과 비교하여 VIII 인자의 C2 도메인에 결합하는 항체의 존재 하에 응고촉진 활성 및 결합 감소를 나타내는 CFXTEN을 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자 또는 네이티브 FVIII과 비교하여 VIII 인자의 A2 도메인에 결합하는 항체의 존재 하에 응고촉진 활성 및 결합 감소를 나타내는 CFXTEN을 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자 또는 네이티브 FVIII과 비교하여

VIII 인자의 A2 및 C2 도메인에 결합하는 항체의 존재 하에 응고촉진 활성 및 결합 감소를 나타내는 CFXTEN을 제공한다. 일 실시형태에서, 본 발명은 표 10의 항체로 이루어진 군으로부터 선택된 항체의 존재 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 응고촉진 활성 및 결합 감소를 나타내는 CFXTEN을 제공한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 항체 GMA8021에 대한 결합 감소를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 항체 GMA8008에 대한 결합 감소를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 항체 ESH4에 대한 결합 감소를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 항체 ESH8에 대한 결합 감소를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 항체 B02C11에 대한 결합 감소를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 다중클론 항체 FVIII 억제제를 갖는 A형 혈우병 피험체로부터의 혈장의 존재 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 결합 감소 및 더 큰 정도의 응고촉진 활성을 나타내고, 더 큰 정도의 응고촉진 활성은 실험실내 검정, 예컨대 베데스다 검정 또는 본 명세서에 기재된 다른 검정에 의해 결정된다.

[0312] FVIII 억제제에 의한 결합 감소를 나타내는 CFXTEN은 1개 또는 2개 또는 3개 또는 4개 또는 5개 또는 6개 이상의 개별 XTEN을 가질 수 있고, 이의 실시형태는 본 명세서에 개시되어 있다. 이 문단의 상기 실시형태에서, CFXTEN은, FVIII에 대한 항체의 결합을 평가할 수 있는 검정, 예컨대 본 명세서에 하기 기재된 검정 또는 당해 분야에 공지된 검정에서 실험실내 평가할 때, 항체에 대한 적어도 5% 또는 10% 또는 15% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 이하의 결합을 나타낸다. 대안적으로, FVIII 결합 항체에 대한 당해 CFXTEN의 결합 감소는, 실시예에 기재된 것처럼, XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 상기 항체의 존재 하에 더 높은 정도의 응고촉진 활성의 보유에 의해 평가될 수 있다. 따라서, 본 명세서에 기재된 FVIII 억제제에 의한 결합 감소에 관한 실시형태에서, CFXTEN은, 항-FVIII 항체와 반응할 때, 응고 검정(예컨대, 본 명세서에 하기 기재된 검정)에서 XTEN에 연결되지 않고 항체와 반응하지 않는 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 5% 또는 10% 또는 15% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 또는 80% 또는 100% 또는 200% 또는 300% 또는 400% 또는 500% 이상의 활성을 나타낸다. 상기에서, 항-FVIII 항체는 표 9로부터의 항체 또는 A형 혈우병 피험체로부터의 순환하는 항-FVIII 항체일 수 있다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 평가된 융합 단백질이, 베데스다 검정 및 표 10으로부터 선택된 항-FVIII 항체 또는 FVIII 억제제를 갖는 A형 혈우병 피험체로부터의 혈장과 같은 다중클론 항-FVIII 항체 제제(이들로 제한되지는 않음)를 사용하여 평가될 때, XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 필적하는 조건 하에 평가될 때 적어도 약 2, 4, 6, 8, 10, 12, 15, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 100 또는 200 이하의 베데스다 단위를 갖는 베데스다 역가를 발생시키는 CFXTEN을 제공한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 평가된 융합 단백질이 FVIII 억제제를 갖는 A형 혈우병 피험체로부터의 혈장과 같은 다중클론 항-FVIII 항체 제제(이들로 제한되지는 않음)를 사용하는 필적하는 조건 하에 평가될 때 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 50% 미만 또는 40% 미만 또는 30% 미만 또는 25% 미만 또는 20% 미만 또는 15% 미만 또는 14% 미만 또는 13% 미만 또는 12% 미만 또는 11% 미만 또는 10% 미만의 베데스다 단위를 발생시키는 CFXTEN을 제공한다.

표 10

항-VIII 인자 항체

항체 지칭	에피토프	억제제 역가 BU/mg	참조문헌
BO2C11	C2 도메인 Met2199/Phe2200	20000	U.S. 6,770,744 Blood (2007) 110:4234-4242
NMC VIII-5	C2 도메인 Glu2181-Val2243		U.S. 6,770,744
ESH2	경쇄		ADI
ESH4	경쇄 2303-2332	39	U.S. 6,770,744 Blood (2007) 110:4234-4242
ESH8	C2 도메인 2248-2285	10000	U.S. 6,770,744 Blood (2007) 110:4234-4242
RHD5 (LMBP 6165CB)	C1 도메인		WO 2005/016455 미국 특허 출원 20090263380
LE2E9	C1 도메인		미국 특허 출원 20090263380 Blood (2000) 95:156-163
I54	C2 도메인	1300	Blood (2007) 110:4234-4242
F85	C2 도메인	6	Blood (2007) 110:4234-4242
F100	C2 도메인	5	Blood (2007) 110:4234-4242
F137	C2 도메인	6	Blood (2007) 110:4234-4242
I89	C2 도메인	1900	Blood (2007) 110:4234-4242
I117	C2 도메인	1800	Blood (2007) 110:4234-4242
I109	C2 도메인 Met2199/Phe2200	1500	Blood (2007) 110:4234-4242
1B5	C2 도메인	930	Blood (2007) 110:4234-4242
3C6	C2 도메인	71	Blood (2007) 110:4234-4242
3D12	C2 도메인 Phe2196	2600	Blood (2007) 110:4234-4242
D102	C2 도메인	3800	Blood (2007) 110:4234-4242
3G6	C2 도메인	25000	Blood (2007) 110:4234-4242
2-77	C2 도메인	25000	Blood (2007) 110:4234-4242
B45	C2 도메인	21000	Blood (2007) 110:4234-4242
B9	C2 도메인	31000	Blood (2007) 110:4234-4242
B11	C2 도메인	3300	Blood (2007) 110:4234-4242
B75	C2 도메인	미확정	Blood (2007) 110:4234-4242
D105	C2 도메인 Val2223/Lys2227	0.8	Blood (2007) 110:4234-4242
F77	C2 도메인	26000	Blood (2007) 110:4234-4242
F178	C2 도메인	18000	Blood (2007) 110:4234-4242
F67	C2 도메인	21000	Blood (2007) 110:4234-4242
G99	C2 도메인 Val2223/Lys2227	15000	Blood (2007) 110:4234-4242
G86	C2 도메인	4300	Blood (2007) 110:4234-4242
I14	C2 도메인	44000	Blood (2007) 110:4234-4242
I55	C2 도메인	10000	Blood (2007) 110:4234-4242
2-117	C2 도메인	>0.4	Blood (2007) 110:4234-4242
GMA012	A2 도메인 497-510; 584-593		GMA
GMA8001	A3 도메인	156	GMA
GMA8002	A1 도메인	<1	GMA
GMA8003	C2 도메인		GMA
GMA8004	A1 도메인		GMA

[0313]

항체 지칭	에피토프	억제제 역가 BU/mg	참조문헌
GMA8005	A1A3/A1 도메인		GMA
GMA8006	C2 도메인		GMA
GMA8008	C2 도메인	1047	GMA
GMA8009	A2 도메인	7923	GMA
GMA8010	LC 도메인		GMA
GMA8011	C1 도메인	97	GMA
GMA8012	A1A3 도메인	204	GMA
GMA8013	A3C2 도메인	30	GMA
GMA8014	C2 도메인	7799	GMA
GMA8015	A2 도메인	17079	GMA
GMA8016	A2 도메인	<1	GMA
GMA8017	A2 도메인	334	GMA
GMA8018	LC 도메인	242	GMA
GMA8019	CR-LC 도메인		GMA
GMA8020	A1A3 도메인	196	GMA
GMA8021	A2 도메인	33928	GMA
4A4	A2 도메인	40000	J Thromb Haemost (2009) 7:658-664
3E6	C2 도메인	41	Blood (2007) 110:4234-4242

[0314]

[0315] 2012년 1월 12일자에 존재하는 americandiagnostica.com/html/Product_Detail.asp?idCategory=5&idSubCategory=104&idpro=ESH-8의 월드 와이드 웹에 위치하는 URL인 American Diagnostica Inc. 인터넷 사이트,

[0316] 2012년 1월 12일자에 존재하는 greenmoab.com/product_details/16316/21582.html의 월드 와이드 웹에 위치하는 URL인 Green Mountain Antibodies 인터넷 사이트

[0317] 억제제 및 항체 결합에 대한 검정

[0318] 본 발명의 융합 단백질을 평가하여 당해 분야에 공지된 방법을 이용하여 FVIII 억제제에 의한 결합 감소를 확인할 수 있다. 이용될 수 있는 검정은, 예컨대 몇몇 열거하자면 웨스턴 블롯, 방사선면역검정, ELISA, "샌드위치" 면역검정, 면역침전 검정, 침강소 반응, 겔 확산 침강소 반응, 면역확산 검정, 응집반응 검정, 면역방사측정 검정, 형광 면역검정, 응고 검정, VIII 인자 억제제 검정과 같은 기법을 이용하는 경쟁적 및 비경쟁적 검정 시스템을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 이러한 검정은 일상적이고 당해 분야에 널리 공지되어 있다(예를 들면, 문헌[Ausubel et al, eds, 1994, Current Protocols in Molecular Biology, Vol. 1, John Wiley & Sons, Inc., New York](이는 본 명세서에 그 전문이 참조문헌 포함됨)을 참조한다). 예시는 간단히 말하면 하기 기재되어 있지만 제한의 방식으로 의도되지 않는다.

[0319] 베데스다 검정 및 베데스다 검정의 네이메헨 변형은 FVIII 억제제를 검출하는 방법으로서 널리 공지된 VIII 인자 억제제 검정이다(Kasper CK, et al. Proceedings: A more uniform measurement of factor VIII inhibitors. Thromb Diath Haemorrh. (1975) 34(2):612). 그러나, 상기 검정은 표 10의 항체를 포함하는 다중클론 또는 단일후보 항-FVIII 항체와 같은 억제제 및, 예컨대 실시예 52에 기재된 방법을 이용하여 FVIII 조성물에 대한 억제제의 결합을 평가하도록 변형될 수 있다. 간단히 말하면, 변형 베데스다 검정은 역가 측정 용적의 시험 샘플을 동일 용적의 억제제와 설정 농도에서 혼합하는 것을 포함한다. 혼합물을 37℃에서 2시간 동안 항온처리한 후 발색 검정과 같은 응고 검정에 의해 인자 농도를 분석한다. 유사하게, 네이티브 VIII 인자 수준을 갖는 기준 혈장을 항온처리하고, 이후 양성 대조군으로서 평가한다. 종점은 베데스다 단위로 표시되는 양성 대조군의 FVIII 활성의 50%를 발생시키는 역가이다. 베데스다 검정의 네이메헨 변형에서, 검정 샘플을 이미다졸 완충제로 안정화하고, 대조군 샘플을 완충제 대신에 결핍 혈장과 혼합한다(Verbruggen B, et al. The Nijmegen modification of the Bethesda assay for factor VIII:C inhibitors: improved specificity and reliability. Thromb Haemost. (1995) 73(2):247-251).

[0320] 웨스턴 블롯 분석은 일반적으로 단백질 샘플을 제조하는 것, 폴리아크릴아마이드 겔(예를 들면, 항원의 분자량에 따라 8% 내지 20%의 SDS-PAGE) 중의 단백질 샘플의 전기영동, 단백질 샘플을 폴리아크릴아마이드 겔로부터 나이트로셀룰로스, PVDF 또는 나일론과 같은 막으로 이동시키는 것, 차단 용액(예를 들면, PBS와 3% BSA 또는 탈지 우유) 중에 막을 차단하는 것, 세척 완충제(예를 들면, PBS-Tween 20) 중에 막을 세척하는 것, 막을 차단 완충제 중에 희석된 1차 항체(관심 있는 항체)로 차단하는 것, 막을 세척 완충제 중에 세척하는 것, 막을 효소 기질(예를 들면, 겨자무과산화효소 또는 알칼리 포스파타제)에 접합된 (1차 항체, 예를 들면 항-인간 항체를 인

식하는) 2차 항체 또는 차단 완충제 중에 희석된 방사성 분자(예를 들면, 32 P 또는 125 I)로 차단하는 것, 막을 세척 완충제 중에 세척하는 것 및 항원의 존재를 검출하는 것을 포함한다. 당해 분야의 당업자는 검출하고자 하는 신호를 증가시키고 배경 잡음을 감소시키도록 변형될 수 있는 매개변수에 대해 알 것이다. 웨스턴 블롯 프로토콜에 관한 추가의 논의를 위해, 예를 들면 문헌[Ausubel et al, eds, 1994, Current Protocols in Molecular Biology, Vol. 1, John Wiley & Sons, Inc., New York at 10.8.1]을 참조한다.

[0321] ELISA 검정은 FVIII의 응고촉진 활성을 차단하는 이의 능력과 무관하게 FVIII에 대한 항체를 검출할 수 있고, A형 혈우병 환자에서 발생하는 항-FVIII의 검출에 이용된다. 억제제를 갖는 A형 혈우병을 지닌 131명의 환자의 집단에서, ELISA 기법은 97.7%의 감수성 및 78.8%의 특이성을 발생시키고 높은 음의 예측 값(98.6%)을 갖는다[Martin, P. G., et al. Evaluation of a novel ELISA screening test for detection of factor VIII inhibitory antibodies in haemophiliacs. Clin Lab Haematol (1999) 21:125-128]. 다른 조사자들은, 비억제 항-FVIII 항체를 검출하는 능력의 추가 이점과 함께, 항-FVIII Abs를 검출하는 ELISA 검정에서의 베데스다 역가와 절대 값 사이의 매우 유의적인 상관관계를 발견하였다(Towfighi, F., et al. Comparative measurement of anti-factor VIII antibody by Bethesda assay and ELISA reveals restricted isotype profile and epitope specificity. Acta Haematol (2005) 114:84-90). 검정 프로토콜은 VIII 인자 폴리펩타이드 또는 CFXTEN 융합 단백질을 포함하는 샘플을 포함할 수 있는 결합 리간드를 제조하는 것, 96웰 마이크로역가 플레이트의 웰을 항체로 코팅하는 것, 리간드 시험 샘플을 첨가하는 것 및 항온처리하는 것, 이후 검출 항체를 첨가하는 것 및 항온처리한 후 세척하는 것 및 알칼리 포스파타제-또는 퍼옥시다제-접합 2차 항체를 첨가하는 것 및 추가의 기간 동안 항온처리한 후 TMB 기질을 첨가하는 것 및 450㎚에서 분광광도계에 의한 판독을 위해 프로세싱하는 것을 포함한다. ELISA에서, 관심 있는 항체 또는 억제제는 검출 가능한 화합물에 접합될 필요는 없고; 대신에, 검출 가능한 화합물에 접합된 (관심 있는 항체 또는 억제제를 인식하는) 제2 항체를 웰에 첨가할 수 있다. 추가로, 웰을 항체로 코팅하는 대신에, 리간드를 웰에 코팅할 수 있다. 당해 분야의 당업자는 검출된 신호를 증가시키도록 변형될 수 있는 매개변수 및 당해 분야에 공지된 ELISA의 다른 변형에 대해 알 것이다(예를 들면, 문헌[Ausubel et al, eds, 1994, Current Protocols in Molecular Biology, Vol. 1, John Wiley & Sons, Inc., New York at 11.2.1]을 참조한다).

[0322] FVIII 결합제의 결합 감소를 측정하기 위해 표준 또는 변형 응고 검정을 이용한다. 예시적인 일 방법(추가로 실시예 28에 기재됨)에서, 야생형 FVIII 함유 His/Myc 이중 태그를 발현하는 기본 벡터와 37℃에서 2시간 동안 항온처리된 다양한 양의 억제 항체를 사용하여 적정 실험에 의해 검정에서 이용하기 위한 소정의 FVIII 억제제의 최적 농도를 처음에 결정한다. FVIII 활성을 본 명세서에 기재된 코아테스트(Coatest) 검정 절차에 의해 측정한다. 검정에서 FVIII 활성의 최적 억제를 발생시키는 최저 농도를 이용한다. 검정에서, 최적 농도의 FVIII 억제제 항체를 개별 시험 샘플과 혼합하고 37℃에서 2시간 동안 항온처리한다. 이후, 생성된 시험 샘플을 수집하고 비처리 분취량의 CFXTEN 및 양성 대조군과 함께 코아테스트 활성 검정에서 사용하여 각각의 시험 샘플에 대한 잔류 및 기준 FVIII 활성을 평가한다.

[0323] 본 발명은 FVIII 억제제를 포함하는 FVIII 결합제에 대한 결합 감소 및 응고촉진 활성의 보유를 나타내는 CFXTEN을 제조하는 방법을 제공한다. 일 실시형태에서, FVIII 억제제에 대한 결합이 감소한 CFXTEN을 제조하는 방법은 표 1의 서열과 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 FVIII 서열을 선택하는 단계, 표 4로부터의 필적하는 길이의 XTEN 서열과 각각 적어도 70% 또는 적어도 80% 또는 적어도 90% 또는 적어도 95-99%의 서열 동일성을 갖는 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 또는 6개 이상의 XTEN을 선택하는 단계, 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 위치에서 또는 이에 인접한 상기 XTEN을 위치시키도록 설계된 발현 작제물을 생성하는 단계, 생성된 CFXTEN을 발현시키고 회수하는 단계 및 본 명세서에 기재된 검정에서 생성된 융합 단백질을 평가하여 CFXTEN 융합 단백질의 결합 감소를 확인하는 단계를 포함한다. 본 발명의 방법에 의해, CFXTEN은 표 10의 항체 또는 A형 혈우병 피험체로부터의 항-FVIII 항체(이들로 제한되지는 않음)를 포함하는 FVIII 결합제에 대한 적어도 5% 감소 또는 적어도 10% 감소 또는 적어도 15% 감소 또는 적어도 20% 감소 또는 적어도 25% 감소 또는 적어도 40% 감소 또는 적어도 50% 감소 또는 적어도 60% 감소 또는 적어도 70% 감소 또는 적어도 80% 감소를 나타내고, XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 10% 또는 적어도 약 20% 또는 적어도 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70%의 응고촉진 활성을 보유한다.

[0324] A형 혈우병 환자 중 8-10% 이하는 이의 응고촉진 특성에 영향을 미치는 일 없이 FVIII에 결합하는 항체를 갖고; 따라서 이는 FVIII 억제제로 분류되지 않는다. 그러나, FVIII에 대한 항체의 결합은 선천성 면역 반응에 의해 청소되거나 단백질분해에 더 감수성인 면역 복합체를 생성시키는 것으로 생각된다(Kazatchkine MD. Circulating immune complexes containing anti-VIII antibodies in multi-transfused patients with haemophilia A. Clin

Exp Immunol. (1980) 39(2):315-320). 따라서, 본 발명의 목적은 억제제가 아닌 FVIII에 대한 항체의 결합 감소를 나타내는 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질을 제공하는 것이고, CFXTEN의 분해 또는 청소율은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 또는 이러한 항체에 의해 결합된 네이티브 FVIII과 비교하여 적어도 5% 또는 10% 또는 15% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 이하 감소한다. XTEN에 연결되지 않은 FVIII 또는 네이티브 FVIII과 비교하여 CFXTEN에 대한 항체의 결합 감소는 *실험실내* 및 *생체내* 방법에 의해 평가될 수 있다. 실험실내 방법은 상기 언급된 ELISA 및 웨스턴 블롯 방법을 포함한다. CFXTEN의 분해 또는 청소율 감소는 동물 모델의 사용에 의해 또는 인간 임상 실험에서 생체내 평가될 수 있다. 실험의 일 유형에서, VIII 인자 또는 CFXTEN은 치료학적 인간 VIII 인자의 분해 또는 청소를 촉진하는 항체를 갖는 VIII 인자 결핍증을 갖는 환자의 코호트에 바람직하게는 정맥내 점적주사에 의해 별개로 투여된다. 투여된 시험 물품의 용량은 5 내지 50IU/kg 체중, 바람직하게는 10 내지 45IU/kg 범위, 가장 바람직하게는 40IU/kg 체중이다. 각각의 투여 대략 1시간 후, 활성을 평가하기 위한 기능적 1단계 또는 발색 응고 검정에서 및 온전한 VIII 인자 등가물의 양을 정량화하기 위한 ELISA, HPLC 또는 유사한 검정에 의해 혈액 샘플로부터의 VIII 인자 또는 CFXTEN의 회수를 측정한다. 샘플을 점적주사 대략 5-10시간 후 다시 취하고 회수를 측정한다. 샘플로부터의 VIII 인자의 전체 회수 및 소멸 속도는 항체 역가 및 VIII 인자로부터의 결과의 비교를 예측하고 CFXTEN은 CFXTEN의 청소 및/또는 분해의 감소 정도를 나타낸다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 청소율을 촉진하지만 달리 온전한 네이티브 FVIII의 응고촉진 활성을 억제하지 않는 항-FVIII 항체에 대한 적어도 5% 감소 또는 적어도 10% 감소 또는 적어도 15% 감소 또는 적어도 20% 감소 또는 적어도 25% 감소 또는 적어도 40% 감소 또는 적어도 50% 감소 또는 적어도 60% 감소 또는 적어도 70% 감소 또는 적어도 80% 감소를 나타낸다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 FVIII의 분해를 촉진하는 항-FVIII 항체에 대한 적어도 5% 감소 또는 적어도 10% 감소 또는 적어도 15% 감소 또는 적어도 20% 감소 또는 적어도 25% 감소 또는 적어도 40% 감소 또는 적어도 50% 감소 또는 적어도 60% 감소 또는 적어도 70% 감소 또는 적어도 80% 감소를 나타낸다. 이 문단의 상기 실시형태에서, 항-FVIII 항체의 결합 감소는 대안적으로 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII에 대한 결합과 비교하여 적어도 2배 또는 3배 또는 4배 또는 5배 또는 10배 또는 33배 또는 100배 또는 330배 또는 적어도 1000배의 FVIII에 비교한 융합 단백질에 대한 FVIII 항체의 K_D 값 증가를 특징으로 한다. 일 실시형태에서, 항-FVIII 항체에 대한 반응성 감소를 나타내는 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 항-FVIII 항체와 함께 피험체에 투여될 때 적어도 48시간 또는 적어도 72시간 또는 적어도 96시간 또는 적어도 120시간 또는 적어도 144시간 또는 적어도 14일 또는 적어도 21일의 종료 반감기 증가를 나타낸다. 상기 실시형태에서, 피험체는 인간 A형 혈우병 피험체일 수 있거나, 순환하는 항-FVIII 항체를 갖는 마우스 A형 혈우병 피험체일 수 있다.

[0325] 본 발명의 다른 양태는 FVIII 억제제에 의한 피험체에서의 응고이상의 특이적 치료를 위한 CFXTEN 융합 단백질의 용도이다. 본 발명은 응고 유효량의 CFXTEN 융합 단백질을 피험체에게 투여하는 단계를 포함하는 순환하는 FVIII 억제제(들)로 피험체를 치료하는 방법을 제공하고, 융합 단백질은 필적하는 양 및 투여 경로를 이용하여 피험체에게 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 VIII 인자와 비교하여 또는 네이티브 VIII 인자와 비교하여 더 높은 응고촉진 활성 및/또는 더 긴 기간의 응고 유효 농도를 나타낸다. 상기 방법의 일 실시형태에서, 피험체에서의 FVIII 억제제는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 중화 항-FVIII 항체이다. 일 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII의 A1 도메인에 결합하는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII의 A2 도메인에 결합하는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII의 A3 도메인에 결합하는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII의 C1 도메인에 결합하는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII의 C2 도메인에 결합하는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII의 C2 도메인 및 A2 도메인 둘 다에 결합하는 항-FVIII 항체이다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 표 10의 하나 이상의 항체에 의해 결합될 수 있는 FVIII 에피토프에 결합한다. 다른 실시형태에서, FVIII 억제제는 FVIII 억제제 항체를 갖는 A형 혈우병 피험체로부터의 다중클론 항체이다.

[0326] 본 발명의 목적은 달리 FVIII에 결합하는 FVIII 결합제의 입체 간섭을 최대화하고 응고촉진 활성을 중화시키거나 FVIII의 청소 또는 분해를 발생시키도록 삽입된 XTEN에 의한 CFXTEN의 생성이다. 따라서, 일 접근법에서, 본 발명은 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN을 제공하고, XTEN은 FVIII 억제제 또는 항-FVIII 항체의 결합 자리에 인접하게 삽입된다. 일 실시형태에서, XTEN은 표 10의 항체에 의해 결합된 FVIII 에피토프의 약 50개 또는 약 100개 또는 약 150개 또는 약 200개 또는 약 250개 또는 약 300개의 아미노산 내인 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 위치에서 FVIII에 연결된다. 다른 실시형태에서, XTEN은 표 10의 항체에 의해 결합된 A2 또는 C2 도메인에서 FVIII 에피토프의 약 50개 또는 약 100개 또는 약 150개 또는 약 200개 또는 약 250개 또는 약 300개의 아미노산 내에 FVIII에 연결된다. 따라서, 본 발명은 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단

백질을 제공하고, 융합 단백질의 FVIII 성분에 대한 FVIII 억제제의 결합은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 또는 네이티브 FVIII과 비교하여 감소하고 CFXTEN은 응고촉진 활성을 보유한다. 이 문단에서 상기 기재된 상기 실시형태에서, 융합 단백질은 본 명세서에 하기 기재된 검정, 실시예의 검정 또는 당해 분야에 공지된 다른 검정에 의해 평가될 수 있고, 억제제는 표 10의 항체일 수 있거나, 다중클론 항-FVIII일 수 있거나, FVIII 억제제를 갖는 A형 혈우병 피험체로부터의 혈액 또는 혈장일 수 있다.

[0327] 다른 양태에서, CFXTEN은 XTEN이 융합 단백질을 커버하는 무작위 코일 입체구성을 채택할 수 있는 구역을 최대화하여, 달리 융합 단백질의 FVIII 성분에서 에피토프에 결합하는 항-FVIII 항체에 대한 입체 장애를 발생시키도록 설계된다. CFXTEN으로의 다수의 XTEN의 도입은 더 적은 XTEN을 갖지만 대략 동일한 전체의 XTEN 아미노산을 갖는 CFXTEN과 비교하여 XTEN 성분의 더 높은 전체 유체 역학 반경을 제공하는 것으로 생각된다. 실증적으로, 단백질에 대한 유체 역학 반경을 크기 배제 크로마토그래피에 기초하여 계산할 수 있고, 이러한 방법을 이용한 몇몇 융합 단백질의 결과는 실시예에 기재되어 있다. 대안적으로, 이용되는 제한된 유형의 아미노산이 정량화될 수 있는 공지된 특성을 가지므로, XTEN 폴리펩타이드, 예컨대 본 명세서에 개시된 실시형태에 도입된 것에 대한 반경은 수리적 식에 의해 근사치가 정해질 수 있다. 일 실시형태에서, 단일 XTEN 폴리펩타이드의 최대 반경(이하 "XTEN 반경")을 하기 방정식 II에 의해 제공된 식에 따라 계산한다:

[0328] $$\text{XTEN 반경} = (\sqrt{\text{XTEN 길이}}\ 0.2037) + 3.4627 \qquad \text{II}$$

[0329] 다른 실시형태에서, CFXTEN에서 모든 XTEN 분절에 대한 XTEN 반경의 최대의 합(이하 "XTEN 반경 합계")을 하기 방정식 III에 의해 제공된 식에 따라 계산한다:

[0330] $$\text{XTEN 반경 합계} = \sum_{i=1}^{n} XTEN\ 반경_i \qquad \text{III}$$

[0331] 식 중, n = XTEN 분절의 수이고,

[0332] i는 반복자(iterator)이다.

[0333] 다른 실시형태에서, 다수의 XTEN을 포함하는 CFXTEN의 XTEN 반경 합계 대 동일 길이의 단일 XTEN에 대한 (CFXTEN의 잔기에 대한 전체 아미노산 잔기의) XTEN 반경 합계의 비율(이하 "XTEN 반경 비율")을 하기 방정식 IV에 의해 제공된 식에 따라 계산한다:

[0334] $$\text{XTEN 반경 비율} = \frac{\sum_{i=1}^{n} XTEN\ 반경_i}{\left(\sqrt{\sum_{i=1}^{n} XTEN\ 길이_i}\ * 0.2037\right) + 3.4627} \qquad \text{IV}$$

[0335] 식 중, n = XTEN 분절의 수이고,

[0336] i는 반복자이다.

[0337] 방정식을 XTEN에 적용하는 데 있어서, 계산된 값이 XTEN 폴리펩타이드의 발현에 사용되는 숙주 세포에 따라 변하거나 감소하는 최대 값을 나타낸다는 것을 당해 분야의 당업자는 이해할 것이다. 이. 콜라이(*E. coli*) 발현이 계산된 값을 성취하는 XTEN을 생성시키고, XTEN이 글라이코실화될 수 있는 진핵 숙주 세포에서의 발현이 최대 계산된 값보다 적은 폴리펩타이드의 반경을 발생시킨다고 생각된다. 이러한 차이는 크기 배제 크로마토그래피와 같은 방법에 의해 정량화될 수 있고, 이 방법은 실시예에 상세히 기재되어 있다.

[0338] XTEN이 무작위 코일 입체구성을 채택할 수 있는 면적을 최대화하는 CFTEN을 설계하기 위해, XTEN 반경 비율이 2 초과인 CFXTEN 설계는 값이 2 미만인 설계보다 융합 단백질에 더 우수한 커버리지를 제공하는 것으로 발견되었다. 따라서, 일 실시형태에서 본 발명은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.0 또는 2.1 또는 2.2 또는 2.3 또는 2.4 또는 2.5 또는 2.6 또는 2.7 또는 2.8 또는 2.9 또는 3.0 또는 3.1 또는 3.2 또는 3.3 또는 3.4 또는 3.5 이상인 CFXTEN을 제공한다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.0-3.5 이상이고 적어도 3개의 XTEN을 포함하는 CFXTEN을 제공하고, 각각의 XTEN은 적어도 42개 내지 약 288개의 아미노산을 갖고, XTEN 중 적어도 2개는 2개의 XTEN 사이의 약 100개 이상 또는 약 200개 또는 약 300개 또는 약 400개 또는 약 500개의 아미노산의 분리로 융합 단백질에 연결된다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.0-3.5 이

상이고 적어도 4개의 XTEN을 포함하는 CFXTEN을 제공하고, 각각의 XTEN은 적어도 42개 내지 약 288개의 아미노산을 갖고, XTEN 중 적어도 3개는 3개 중 임의의 2개의 XTEN 사이의 약 100개 이상 또는 약 200개 또는 약 300개 또는 약 400개의 아미노산의 분리로 융합 단백질에 연결된다.

[0339] 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.0-3.5 이상인 CFXTEN을 제공하고, CFXTEN은 적어도 3개의 XTEN을 포함하고, 각각의 XTEN은 적어도 42개 내지 약 288개의 아미노산을 갖고, 융합 단백질에 연결된 XTEN의 3개 중 적어도 2개는 적어도 100개 또는 약 200개 또는 약 300개 내지 약 400개의 아미노산의 아미노산 서열로 분리되고, 제3 XTEN은 B 도메인(또는 이의 단편) 또는 C 도메인(또는 이의 말단) 내에 연결된다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN 반경 비율이 적어도 2.0-3.5 이상인 CFXTEN을 제공하고, CFXTEN은 적어도 4개의 XTEN을 포함하고, 각각의 XTEN은 적어도 42개 내지 약 288개의 아미노산을 갖고, 융합 단백질에 연결된 XTEN의 4개 중 적어도 3개는 적어도 300개 내지 약 400개의 아미노산의 아미노산 서열로 분리되고, 제4 XTEN은 B 도메인(또는 이의 단편) 또는 C 도메인(또는 이의 말단) 내에 연결된다.

[0340] 또 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, CFXTEN은 적어도 5개의 XTEN을 포함하고, 4개의 XTEN은 적어도 42개 내지 약 144개의 아미노산을 갖고, 적어도 4개의 XTEN은 4개 중 임의의 2개의 XTEN 사이의 약 100개 이상, 200개 또는 약 300개 또는 약 400개의 아미노산 분리를 갖는 융합 단백질에 연결되고, 제5 XTEN은 B 도메인(또는 이의 단편) 또는 C 도메인(또는 이의 말단) 내에 연결된다. 일 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, CFXTEN은 적어도 5개의 XTEN을 포함하고, 4개의 XTEN은 적어도 42개 내지 약 144개의 아미노산을 갖고, 융합 단백질에 연결된 적어도 3개의 XTEN은 적어도 300개 내지 약 400개의 아미노산의 아미노산 서열에 의해 분리되고, 제4 XTEN은 B 도메인(또는 이의 단편) 내에 연결되고, 제5 XTEN은 C 도메인(또는 이의 말단) 내에 연결된다.

[0341] 일 양태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 또는 2.1 또는 2.2 또는 2.3 또는 2.4 또는 2.5 또는 2.6 또는 2.7 또는 2.8 또는 2.9 또는 3.0 또는 3.1 또는 3.2 또는 3.3 또는 3.4 또는 3.5 이상이고, 상기 조성물은 특정한 서열을 포함하지 않는다. 상기의 일 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, 단 융합 단백질은 표 50 또는 표 51 중 임의의 하나로부터의 서열을 포함하지 않는다. 상기의 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, 단 융합 단백질은 AG 패밀리 XTEN 서열을 갖는 서열을 포함하지 않는다. 상기의 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, 단 융합 단백질은 GTPGSGTASSSP(서열 번호 31), GSSTPSGATGSP(서열 번호 32), GSSPSASTGTGP(서열 번호 33), GASPGTSSTGSP(서열 번호 34)로부터 선택된 서열을 포함하지 않는다. 상기의 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, 단 융합 단백질은 GTPGSGTASSSP(서열 번호 31), GSSTPSGATGSP(서열 번호 32), GSSPSASTGTGP(서열 번호 33), GASPGTSSTGSP(서열 번호 34) 및 GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP(서열 번호 59)로부터 선택된 임의의 하나의 서열을 포함하지 않는다. 상기의 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, 단 융합 단백질은

[0342] GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP(서열 번호 59),

[0343] PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS(서열 번호 71) 또는

[0344] PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS(서열 번호 80)로부터 선택된 서열을 포함하지 않는다. 상기의 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 여기서 XTEN 반경 비율은 적어도 2.0 내지 3.5 이상이고, 단 융합 단백질은

[0345] GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP(서열 번호 59),

[0346] PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS(서열 번호 71) 또는

[0347] PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS(서열 번호 80)로 이루어진 XTEN 서열이 아니다.

[0348] 일 양태에서, 본 발명은 FVIII 결합제의 입체 간섭을 최대화하도록(그렇지 않으면 FVIII에 결합하고 응고촉진 활성을 중화시키거나 FVIII의 청소 또는 분해를 발생시킬 수 있다) 삽입된 XTEN을 갖는 CFXTEN을 생성하는 방법을 제공한다. 따라서, 일 실시형태에서, 본 발명은 표 1의 서열과 적어도 90%의 서열 동일성을 갖는 FVIII 서열을 선택하는 단계, XTEN 반경 비율이 적어도 2.0 또는 2.1 또는 2.2 또는 2.3 또는 2.4 또는 2.5 또는 2.6 또는 2.7 또는 2.8 또는 2.9 또는 3.0 또는 3.1 또는 3.2 또는 3.3 또는 3.4 또는 3.5 이상인 표 4로부터의 3개 이상의 XTEN을 선택하는 단계, 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 위치에서 또는 이에 인접한 상기 XTEN을 위치시키도록 설계된 발현 작제물을 생성하는 단계(3개 이상의 XTEN은 적어도 300개 내지 400개의 아미노산임), 생성된 CFXTEN을 발현시키고 회수하는 단계 및 본 명세서에 기재된 검정에서 생성된 융합 단백질을 평가하여 CFXTEN 융합 단백질의 결합 감소를 확인하는 단계를 포함하는 방법을 제공한다. 본 발명의 방법에 의해, CFXTEN은 표 10의 항체(이들로 제한되지는 않음)를 포함하는 FVIII 결합제에 대한 결합의 적어도 5% 감소 또는 적어도 10% 감소 또는 적어도 15% 감소 또는 적어도 20% 감소 또는 적어도 25% 감소 또는 적어도 40% 감소 또는 적어도 50% 감소 또는 적어도 60% 감소 또는 적어도 70% 감소 또는 적어도 80% 감소를 나타내고 응고촉진 활성을 나타낸다.

[0349] 5. 스페이서 및 개열 서열을 갖는 CFXTEN 융합 단백질 구성

[0350] 다른 양태에서, 본 발명은 조성물에 대한 기능 또는 특성을 증대시키거나 편입하도록 또는 융합 단백질 조성물의 어셈블리 또는 제조에서 조제로서 설계된 XTEN에 또는 이에 인접하게 편입된 하나 이상의 스페이서 서열을 갖도록 구성된 CFXTEN을 제공한다. 이러한 특성은 성분의 방출을 허용하는 개열 서열(들)의 포함, FVIII 코딩 뉴클레오타이드에 대한 XTEN 코딩 뉴클레오타이드의 연결을 허용하거나 발현 벡터의 작제를 수월하게 하는 뉴클레오타이드 제한 자리와 상용성인 아미노산의 포함 및 CFXTEN 융합 단백질의 구역에서 입체 장애를 감소시키도록 설계된 링커를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다.

[0351] 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 입체 장애를 감소시키기 위해 XTEN 서열과 FVIII 성분 사이에 도입될 수 있어서 FVIII 성분은 이의 원하는 3차 구조를 취하고/취하거나 이의 표적 기질 또는 프로세싱 효소와 적절히 상호작용할 수 있다. 스페이서 및 원하는 스페이서를 확인하는 방법을 위해, 예를 들면 문헌[George, *et al*. (2003) Protein Engineering 15:871-879(본 명세서에서 참조문헌으로 구체적으로 포함됨)]을 참조한다. 일 실시형태에서, 스페이서는 1-50개 길이의 아미노산 잔기 또는 약 1-25개 길이의 잔기 또는 약 1-10개 길이의 잔기인 하나 이상의 펩타이드 서열을 포함한다. 개열 자리를 배제한 스페이서 서열은 임의의 20개의 천연 L 아미노산을 포함할 수 있고, 바람직하게는 XTEN-유사 특성을 갖고, 이때 대부분의 잔기는 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E), 프롤린(P) 및 아스파르테이트(D)(이들로 제한되지는 않음)와 같은 입체 장애가 없는 친수성 아미노산이다. 스페이서는 단일 글라이신 잔기, 폴리글라이신 또는 폴리알라닌일 수 있거나, 지배적으로 글라이신, 세린 및 알라닌 잔기의 조합의 혼합물이다. 일 실시형태에서, 개열 자리 아미노산을 배제한 스페이서 서열은 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된 아미노산으로 이루어지고 실질적으로 2차 구조가 없는 약 1개 내지 10개의 아미노산을 갖는다; 예를 들면, 챠우-파스만 및/또는 GOR 알고리즘에 의해 결정될 때 약 10% 미만 또는 약 5% 미만. 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 다른 실시형태에서, 스페이서 서열은 개열 표 12의 서열을 개열하도록 연결된 GPEGPS(서열 번호 1612)이다. 또한, 스페이서 서열은 스페이서에서 사용되는 소수성 아미노산의 수를 회피하거나 제한함으로써 부분적으로 성취될 수 있는 T 세포 에피토프의 도입을 회피하도록 설계되고; 에피토프의 결정은 상기 및 실시예에 기재되어 있다.

[0352] 특정한 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 페이로드 FVIII 서열과 융합 단백질로 편입된 하나 이상의 XTEN 사이의 접합부(들)에서 연결된 하나 이상의 스페이서 서열을 포함하고, 스페이서 서열은 제한 자리를 코딩하는 뉴클레오타이드와 상용성인 아미노산을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 페이로드 FVIII 서열과 융합 단백질에 편입된 하나 이상의 XTEN 사이의 접합부(들)에서 연결된 하나 이상의 스페이서 서열을 포함하고, 스페이서 서열은 제한 자리를 코딩하는 뉴클레오타이드와 상용성인 아미노산 및 아미노산을 포함하고, 하나

이상의 스페이서 서열 아미노산은 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P)으로부터 선택된다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 페이로드 FVIII 서열과 융합 단백질에 편입된 하나 이상의 XTEN 사이의 접합부(들)에서 연결된 하나 이상의 스페이서 서열을 포함하고, 스페이서 서열은 제한 자리를 코딩하는 뉴클레오타이드와 상용성인 아미노산을 포함하고, 하나 이상의 스페이서 서열은 표 11의 서열로부터 선택된다. 각각의 스페이서 서열의 정확한 서열은 특정한 CFXTEN 작제물에 사용되는 발현 벡터에서의 클로닝 자리와 상용성이도록 선택된다. 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 XTEN과 상용성인 특성을 갖는다. 일 실시형태에서, 스페이서 서열은 GAGSPGAETA(서열 번호 178)이다. FVIII 서열에 내부로 편입된 XTEN 서열의 경우, 각각의 XTEN은 일반적으로 제한 자리와 상용성인 아미노산을 포함하는 2개의 스페이서 서열에 의해 플랭킹되고, N 또는 C 말단에 부착된 XTEN은 2개의 성분의 접합부에서 오직 단일 스페이서 서열을 필요로 하고 벡터로의 편입을 위한 반대 말단에서 다른 것을 필요로 한다. 당해 분야의 당업자에게 명확한 것처럼, FVIII에 내부에 있는 제한 자리와 상용성인 아미노산을 포함하는 스페이서 서열은 전체 CFXTEN 유전자가 합성으로 생성될 때 작제물로부터 생략될 수 있다.

표 11

제한 자리와 상용성인 스페이서 서열

스페이서 서열	제한 효소
GSPG(서열 번호: 174)	BsaI
ETET(서열 번호: 175)	BsaI
PGSSS(서열 번호: 176)	BbsI
GAP	AscI
GPA	FseI
GPSGP(서열 번호: 177)	SfiI
AAA	SacII
TG	AgeI
GT	KpnI
GAGSPGAETA(서열 번호: 178)	SfiI
ASS	XhoI

[0353]

[0354] 다른 양태에서, 본 발명은 스페이서 서열로 편입된 개열 서열을 갖는 CFXTEN 구성을 제공한다. 몇몇 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질 조성물에서의 스페이서 서열은 동일하거나 상이한 하나 이상의 개열 서열을 포함하고, 개열 서열은, 도 12에 도시된 바대로, 융합 단백질로부터 FVIII, FVIII 성분(예를 들면, B 도메인) 또는 XTEN 서열(들)을 방출하도록 프로테아제에 의해 작용될 수 있다. 일 실시형태에서, CFXTEN으로의 개열 서열의 편입은 XTEN으로부터의 이의 방출 시 (IXa 및 X 인자에 대한 막 결합 자리로서 작용하는 이의 능력과 관련하여) 활성 또는 더 활성이 되는 FVIII 성분의 방출을 허용하도록 설계된다. 상기 실시형태에서, CFXTEN의 FVIII 성분의 응고촉진 활성은 온전한 CFXTEN과 비교하여 적어도 30% 또는 적어도 40% 또는 적어도 50% 또는 적어도 60% 또는 적어도 70% 또는 적어도 80% 또는 적어도 90%로 개열 후 증가한다. 개열 서열은 FVIII 서열에 충분히 가깝게, 일반적으로 FVIII 서열의 18개 또는 12개 또는 6개 또는 2개의 아미노산 내에 위치하여, 개열 후 FVIII에 부착된 임의의 남은 잔기는 FVIII의 활성을 상당히 방해하지(예를 들면, 응고 단백질에 대한 결합 등) 않지만, 개열 서열의 개열을 실행할 수 있도록 프로테아제에 대한 충분한 접근을 제공한다. 몇몇 경우에, 개열 서열을 포함하는 CFXTEN은 또한 FVIII과 개열 서열 또는 XTEN과 개열 서열 사이에 하나 이상의 스페이서 서열 아미노산을 가져 프로테아제의 접근을 수월하게 하고; 스페이서 아미노산은 바람직한 아미노산으로서 글라이신, 세린 및 알라닌을 포함하는 임의의 천연 아미노산을 포함한다. 일 실시형태에서, 개열 자리는 포유동물 피험체에 내인성인 프로테아제에 의해 개열될 수 있는 서열이어서 CFXTEN은 피험체에 투여 후 개열될 수 있다. 이런 경우, CFXTEN은 FVIII에 대한 프로드럭 또는 순환하는 데포로서 작용할 수 있다. 상기의 특정한 작제물에서, CFXTEN은 활성화된 응고 인자에 의해 작용할 수 있는 개열 서열을 통해 FVIII-BDD의 N 및/또는 C 말단에 연결된 1개 또는 2개 XTEN을 갖고, R740 및 R1689 위치에서 프로세싱 아미노산 사이에 위치한 추가의 XTEN을 가져 XTEN은 방출되어, 네이티브 활성화된 FVIII과 유사한 FVIII의 형태가 남는다. 상기 작제물의 일 실시형태에서, 개열 서열의 개열에 의해 융합 단백질로 방출된 FVIII은 온전한 CFXTEN 융합 단백질과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3

배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 20배 활성 증가를 나타낸다.

[0355] 본 발명에 의해 고려되는 개열 자리의 예는 FXIa, FXIIa, 칼리크레인, FVIIIa, FVIIIa, FXa, FIIa(트롬빈), 엘라스타제-2, 그랜자임 B MMP-12, MMP-13, MMP-17 또는 MMP-20으로부터 선택된 포유동물 내인성 프로테아제 또는 비포유동물 프로테아제, 예컨대 TEV, 엔테로키나제, 프리시지온(PreScission)(상표명) 프로테아제(리노바이러스 3C 프로테아제) 및 소르타제(sortase) A에 의해 개열 가능한 폴리펩타이드 서열을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 상기 프로테아제 및 기타에 의해 개열되는 것으로 알려진 서열이 당해 분야에 공지되어 있다. 본 발명에 의해 고려되는 예시적인 개열 서열 및 서열 내의 각각의 절단 자리, 및 이들의 서열 변이체는 표 12에 제시되어 있다. 편입된 개열 서열(들)을 포함하는 CFXTEN의 경우, 하나 이상의 개열 서열이 활성화된 응고 단백질에 대한 기질인 것이 일반적으로 바람직하다. 예를 들면, 트롬빈(활성화 응고 II 인자)는 서열 LTPRSLLV(서열 번호 1618)에 작용하고[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, 36: D320], 이 서열은 서열에서 4번 위치에서 아르기닌 후 절단된다. 활성 FIIa는 인지질 및 칼슘의 존재 하에 FXa에 의한 FII의 개열에 의해 제조되고, 응고 경로에서 VIII 인자로부터 하류에 있다. 일단 활성화되면, 응고에서의 이의 자연적인 역할은 피브리노겐을 개열하는 것이고, 피브리노겐은 이후 결국 혈전을 형성하기 시작한다. FIIa 활성은 치밀히 제어되고 적절한 지혈에 응고가 필요한 때에만 생긴다. FVIII과 XTEN 성분 사이의 CFXTEN로의 LTPRSLLV 서열(서열 번호 1618)의 편입 및 이들의 연결에 의해, 생리학적으로 응고가 필요할 때 XTEN은 외재성 또는 내재성 응고 경로의 활성화와 동시에 인접한 FVIII로부터 제거되어, FVIII을 선택적으로 방출한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 내재성 응고 시스템의 개시에 의해서만 작용되는 FVIII과 XTEN 성분(들) 사이에 편입된 FXIa 개열 서열을 갖는 CFXTEN을 제공하고, FVIII의 응고촉진 형태는 FXIa에 의해 XTEN으로부터 방출되어 응고 캐스케이드에 참여한다. 임의의 특정한 이론에 구속되고자 함이 없이, 상기 실시형태의 CFXTEN이 활성 응고의 자리에서를 제외하고 다른 응고 인자로부터 FVIII을 봉쇄하여, 최소 안전성 관심으로 더 많은 용량(및 따라서 더 긴 투약 간격)을 허용한다고 생각된다.

[0356] 따라서, 개열 서열, 특히 표 12에 기재된 응고촉진 활성화된 응고 단백질에 감수성인 것은 FVIII의 지속적인 방출을 제공하고, CFXTEN의 특정한 실시형태에서, CFXTEN의 온전한 형태로부터 방출된 FVIII 성분에 대한 높은 정도의 활성 및 피험체에게 투여된 높은 용량의 CFXTEN에 대한 추가의 안전성 마진을 제공할 수 있다. 일 실시형태에서, 본 발명은 개열 시 융합 단백질로부터 FVIII을 방출하도록 작동적으로 위치한 하나 이상의 개열 서열을 포함하는 CFXTEN을 제공하고, 하나 이상의 개열 서열은 표 12로부터 선택된 서열과 적어도 약 86% 또는 적어도 약 92% 또는 100%의 서열 동일성을 갖는다.

[0357] 몇몇 실시형태에서, 절단 자리의 측면 둘 다를 플랭킹하는 오직 2개 또는 3개의 아미노산(전체 4개 내지 6개의 아미노산)은 개열 서열로 편입되고, 결국 실시형태의 CFXTEN으로 편입되어, 예를 들면 XTEN 방출 자리를 제공한다. 다른 실시형태에서, 표 12의 편입된 개열 서열은 공지된 서열에서 임의의 1개 또는 2개 또는 3개의 아미노산에 대한 1개 이상의 결실 또는 삽입 또는 1개 또는 2개 또는 3개의 아미노산 치환을 가질 수 있고, 결실, 삽입 또는 치환은 프로테아제에 대한 감수성을 감소시키거나 증대시키지만 부재하도록 하지는 않아서, XTEN으로부터 FVIII의 방출 속도를 조정하는 능력을 발생시킨다. 본 발명의 CFXTEN에 사용되는 개열 서열 내의 예시적인 치환이 표 12에 기재되어 있다.

표 12

프로테아제 개열 서열

서열에 작용하는 프로테아제	예시적인 개열 서열	서열 번호:	최소 절단 자리	서열 번호:
FXIa	KLTR↓AET	179	KD/FL/T/R↓VA/VE/GT/GV	
FXIa	DFTR↓VVG	180	KD/FL/T/R↓VA/VE/GT/GV	
FXIIa	TMTR↓IVGG	181	NA	
칼리크레인	SPFR↓STGG	182	-/-/FL/RY↓SR/RT/-/-	
FVIIa	LQVR↓IVGG	183	NA	
FIXa	PLGR↓IVGG	184	-/-/G/R↓-/-/-/-	
FXa	IEGR↓TVGG	185	IA/E/GFP/R↓STI/VFS/-/G	
FIIa(트롬빈)	LTPR↓SLLV	186	-/-/PLA/R↓SAG/-/-/-	
엘라스타제-2	LGPV↓SGVP	187	-/-/-/VIAT↓-/-/-/-	
그랜자임-B	VAGD↓SLEE	188	V/-/-/D↓-/-/-/-	
MMP-12	GPAG↓LGGA	189	G/PA/-/G↓L/-/G/-	190
MMP-13	GPAG↓LRGA	191	G/P/-/G↓L/-/GA/-	192
MMP-17	APLG↓LRLR	193	-/PS/-/-↓LQ/-/LT/-	
MMP-20	PALP↓LVAQ	194	NA	
TEV	ENLYFQ↓G	195	ENLYFQ↓G/S	196
엔테로키나제	DDDK↓IVGG	197	DDDK↓IVGG	198
프로테아제 3C (PreScission™)	LEVLFQ↓GP	199	LEVLFQ↓GP	200
소르타제 A	LPKT↓GSES	201	L/P/KEAD/T↓G/-/EKS/S	202

↓ 개열 자리를 나타낸다 NA: 해당 사항 없음

[0358]

[0359] 슬래시 전의, 사이의 또는 후의 다수의 아미노산의 목록은 그 위치에서 치환될 수 있는 대안적인 아미노산을 나타내고; "-"는 임의의 아미노산이 중간 열에 표시된 상응하는 아미노산에 치환될 수 있다는 것을 나타낸다.

[0360] 6. 예시적인 CFXTEN 융합 단백질 서열

[0361] 하나 이상의 XTEN에 연결된 단일 FVIII을 포함하는 융합 단백질의 서열의 비제한적인 예는 표 21에 제시되어 있다. 표 21의 예시적인 아미노산 서열(및 이를 코딩하는 DNA 서열)은, 당해 분야의 당업자에게 명확한 것처럼, CFXTEN 융합 단백질의 응고촉진 활성에 영향을 미치지 않으면서 서열로부터 결실될 수 있는 정제 목적을 위한 his 태그를 포함한다. 일 실시형태에서, 표 21의 CFXTEN은 CFXTEN 융합 단백질의 발현 및 분비를 돕기 위해 네이티브 인간 FVIII(즉, 서열 MQIELSTCFFLCLLRFCFS(서열 번호 1611))에 상응하는 N 말단에서 아미노산을 추가로 포함한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 조성물은 표 21로부터의 CFXTEN과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 대안적으로, 최적으로 정렬될 때, 표 21로부터의 CFXTEN과 비교하여 적어도 약 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 약 100%의 서열 동일성을 갖는 융합 단백질을 포함한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 조성물은 C 말단 his-his-his-his-his-his 서열(서열 번호 1700)이 결실된 표 21로부터의 융합 단백질을 포함한다. 그러나, 본 발명은 또한 표 21의 CFXTEN의 FVIII 성분에 대한 임의의 표 1의 FVIII 서열의 치환 및/또는 표 21의 CFXTEN의 XTEN 성분에 대한 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나의 임의의 서열의 치환을 고려한다. 일반적으로, 상기 예의 생성된 CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII의 응고촉진 활성의 적어도 일부를 보유한다. 이 문단에서 상기 기재된 상기 융합 단백질에서, CFXTEN 융합 단백질은 하나 이상의 개열 서열; 예를 들면, 표 12로부터의 서열을 추가로 포함할 수 있고, 개열 서열은 FVIII과 XTEN 서열 사이에 또는 XTEN에 연결된 인접한 FVIII 도메인 사이에 위치한다. 개열 서열(들)을 포함하는 몇몇 실시형태에서, 온전한 CFXTEN 조성물은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 이의 온전한 형태에서 덜한 활성, 그러나 더 긴 반감기를 갖지만, 피험체에 대한 투여 시, FVIII 성분은 내인성 프로테아제에 의해 개열 서열(들)에서 개열에 의해 융합 단백질로부터 점진적으로 방출되도록 설계되고, 이때 FVIII 성분은 응고촉진 활성을 나타낸다.

[0362] 실시형태의 CFXTEN 조성물을 본 명세서에 기재된 검정 또는 생체내 매개변수(예를 들면, 실험실내 응고 검정, 표 49의 검정 또는 실시예에 기재된 방법 또는 FVIII 활성을 평가하기 위해 당해 분야에 공지된 다른 방법을 이

용하여 전임상 혈우병 모델에서 또는 인간에서의 임상 실험에서 약물학적 효과)를 이용하여 활성에 대해 평가하여 구성 또는 FVIII 서열 변이체의 적합성을 결정할 수 있고, 네이티브 FVIII 서열과 비교하여 적어도 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 55% 또는 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90% 또는 약 95% 이상의 활성을 보유하는 (임의의 편입된 XTEN-방출 개열 자리의 개열 후 포함하는) 이 CFXTEN 조성물은 FVIII 관련 병증의 치료에서 사용하기에 적합한 것으로 생각된다.

[0363] **V). 본 발명의 CFXTEN 조성물의 특성**

[0364] (a) CFXTEN의 약동학적 특성

[0365] 본 발명의 목적은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 약동학이 증대된 CFXTEN을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질 및 약제학적 조성물을 제공하는 것이다. 소정의 XTEN을 FVIII에 연결함으로써 증대된 FVIII의 약동학적 특성은 종료 반감기, 곡선 하 면적(AUC), C_{max}, 분포 용적, 생물학적 활성인 CFXTEN을 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 더 긴 기간 동안 최소 유효 혈액 단위 농도 초과로 유지시키는 것을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 특성 증대는 XTEN에 연결되지 않은 필적하는 용량의 FVIII과 비교하여 덜 빈번한 투약 및/또는 더 긴 살아 있는 응고촉진 효과를 허용한다. 하나 이상의 이들 특성의 증대는 VIII 인자 관련 병증의 치료에서 이익을 발생시킬 수 있다.

[0366] 외인성으로 투여된 VIII 인자는 일반 폰빌레브란트 인자 단백질과 복합체화될 때 대략 12-14시간의 인간에서의 종료 반감기를 갖는 것으로 보고되었고, 폰빌레브란트 인자의 부재 하에, VIII 인자의 반감기는 2시간으로 감소한다(Tuddenham EG, et al., Br J Haematol. (1982) 52(2):259-267; Bjorkman, S., et al. Clin Pharmacokinet. (2001) 40:815). XTEN에 의해 부여된 특성 증대의 결과로서, CFXTEN은, 피험체 및 이의 기초하는 병증에 적절한 것으로 결정된 용량 및 용량 섭생으로 사용될 때, XTEN에 연결되지 않은 상응하는 필적하는 용량의 FVIII과 비교하여 연장된 기간 동안 원하는 응고촉진 또는 임상 효과를 발생시키는 순환하는 농도를 성취할 수 있다. 본 명세서에 사용되는 "필적하는 용량"은 피험체에게 투여되는 조성물에 대한 당량 몰/kg 또는 국제 단위/kg(IU/kg)을 갖는 용량을 의미한다. XTEN에 연결되지 않은 "필적하는 용량"의 FVIII은 더 적은 중량의 약물을 나타내지만, 용량에서 CFXTEN의 동일한 IU 또는 몰 당량을 실질적으로 갖는다는 것으로 당해 분야에서 이해된다.

[0367] VIII 인자의 국제 단위("IU")는 정상 인간 혈장의 1㎖ 중에 존재하는 항응고 활성으로서 당해 분야에 정의되어 있다. 정상의 비혈우병 개별 인간은 약 100IU/dℓ의 VIII 인자 활성을 갖는 것으로 예상된다. A형 혈우병에서, 치료하는 데 필요한 용량은 병증에 따라 달라진다. 소량 출혈의 경우, 20 내지 40IU/kg의 네이티브 또는 재조합 VIII 인자의 용량이 필요한 경우 통상적으로 투여된다. 보통의 출혈의 경우, 30 내지 60IU/kg의 용량이 필요한 경우 투여되고, 다량 출혈의 경우, 80 내지 100IU/kg의 용량이 필요할 수 있고, 20 내지 25IU/kg의 반복 용량이 출혈이 해소될 때까지 8 내지 12시간마다 제공된다. 중증 A형 혈우병을 지닌 환자에서의 출혈에 대한 예방의 경우, 네이티브 또는 재조합 FVIII 제제의 일반 용량은 약 2 내지 3일의 간격으로 20 내지 40IU/kg 체중이다. FVIII을 포함하는 조성물의 적절한 용량을 추정하는 표준 방정식은 하기와 같다:

[0368] 필요한 단위 = 체중(kg) x 원하는 VIII 인자 상승(정상의 IU/dℓ 또는 %) x 0.5(IU/dℓ당 IU/kg).

[0369] 많은 경우에, 상이한 연령 또는 질환 정도의 피험체에서의 FVIII에 대한 치료학적 수준은 확립되고 공개 문헌에서 입수 가능하거나, FVIII을 포함하는 허가 제품에 대한 약물 라벨에 기재되어 있다. 예를 들면, 혈전증 및 지혈에 대한 국제 협회의 과학 및 규격 위원회(Scientific and Standardization Committee of the International Society on Thrombosis and Haemostasis)의 VIII 인자 및 IX 인자에 대한 소위원회(Subcommittee on Factor VIII and Factor IX)는 2000년 11월 29일자에 ISTH 웹사이트에 가장 널리 이용되는 A형 혈우병의 조치는 혈장 FVIII 응고촉진 수준의 순환하는 농도를 측정함으로써 확립된다고 개재하였고, 1% 미만(0.01IU/㎖ 미만)의 VIII 인자를 갖는 사람은 중증으로 정의되고; 1-5%(0.01-0.05IU/㎖)는 중등도 중증으로 정의되고; 5 초과-40%(0.05-0.40IU/㎖ 미만)는 중등도로 정의되고, 정상은 VIIIC 인자의 1IU/㎖(100%)이다. 치료학적 수준은 이 CFXTEN 및 표준 방법을 이용하는 본 개시내용의 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물을 포함하는 새로운 조성물에 확립될 수 있다. 본 발명을 실행 시, 출혈 에피소드를 치료하거나 지혈을 유지시키기 위해 효과적인 CFXTEN의 임의의 용량이 사용될 수 있는 것으로 이해된다. 소정의 조성물에 대한 치료학적 수준 및 투약 스케줄을 확립하는 방법은 당해 분야의 당업자에게 공지되어 있다(예를 들면, 문헌[Goodman & Gilman's The Pharmacological Basis of Therapeutics, 11th Edition, McGraw-Hill (2005)]을 참조한다). 예를 들면, 효능 또는 바람직한 약리학적 효과, 부작용의 출현 및 순환하는 혈액 수준의 결정을 결정하기 위해 표적 병증을 갖는 피험체에서 용량-상승

연구를 이용함으로써, 소정의 피험체 또는 피험체 집단에 대한 치료학적 혈액 수준은 소정의 약물 또는 생물학에 결정될 수 있다. 용량 상승 연구는 피험체 또는 A형 혈우병 피험체의 그룹에서 연구를 통해 CFXTEN의 활성을 평가한다. 이 연구는 응고촉진의 혈액 수준, 및 VIII 인자 관련 병증과 관련된 하나 이상의 매개변수에 대해 당해 분야에 공지되거나 본 명세서에 기재된 생리학적 또는 임상 매개변수, 또는 유리한 결과와 관련된 임상 매개변수를, 관찰 및/또는 무효과 용량, 부작용, 최소 유효 용량 등을 결정하기 위해 측정된 매개변수와 함께, 결정된 또는 도출된 순환하는 혈액 수준을 확립하는 약동학적 매개변수의 측정과 함께 모니터링한다. 이후, 결과는 투여된 용량 및 상기 결정된 매개변수 또는 효과 수준과 일치하는 치료제의 혈중 농도와 상관될 수 있다. 이 방법에 의해, 용량 및 혈중 농도의 범위는 최소 유효 용량 및 원하는 효과가 생기거나 유지되는 최대 용량 및 혈중 농도 및 이것이 유지될 수 있는 기간(이로써 치료학적 혈액 수준 및 조성물에 대한 투약 스케줄을 확립함)과 상관될 수 있다. 따라서, 상기 방법에 의해, C_{min} 혈액 수준이 확립되고, 이 미만에서 CFXTEN 융합 단백질이 원하는 약리학적 효과를 갖지 않고, C_{max} 혈액 수준이 확립되고, 이 초과에서 혈전증과 같은 부작용이 생길 수 있어서(Brobrow, RS, JABFP (2005) 18(2):147-149), 조성물에 대한 치료학적 윈도우를 확립한다.

[0370] 당해 분야의 당업자는, 본 명세서에 개시된 수단 또는 당해 분야에 공지된 다른 방법에 의해, 투여된 CFXTEN이 원하는 간격 동안 지혈을 유지시키도록 치료학적 혈액 수준으로 있거나 XTEN의 용량 또는 길이 또는 서열의 조정을 필요로 할 수 있다는 것을 확인할 수 있다. 추가로, 치료학적 윈도우 내에 CFXTEN을 유지시키기 위한 적절한 용량 및 용량 빈도의 결정은 치료학적 유효 용량 섭생을 확립하고; 치료학적 유효 용량의 융합 단백질을 사용한 이를 필요로 하는 피험체에 대한 다수의 연속 용량의 투여에 대한 스케줄은 연속 C_{max} 피크 및/또는 C_{min} 트로프가 치료학적 유효 농도 초과로 있게 하고 표적 병증과 관련된 적어도 하나의 측정된 매개변수를 개선한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 또는 피험체에 적절한 용량으로 투여된 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물은 CFXTEN 융합 단백질의 혈중 농도가 최소 유효 농도 초과로 있게 하여, 필적하는 용량으로 투여된 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 긴; 대안적으로 필적하는 용량으로 투여된 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 3배 긴; 대안적으로 적어도 약 4배 긴; 대안적으로 적어도 약 5배 긴; 대안적으로 적어도 약 6배 긴; 대안적으로 적어도 약 7배 긴; 대안적으로 적어도 약 8배 긴; 대안적으로 적어도 약 9배 긴, 대안적으로 적어도 약 10배 긴 또는 적어도 약 20배 이상 긴 기간 동안 지혈을 유지시킨다. 본 명세서에 사용되는 "적절한 용량"은, 피험체에 투여될 때, 원하는 치료학적 또는 약리학적 효과(예를 들면, 지혈) 및/또는 치료학적 윈도우 내의 혈중 농도를 발생시키는 약물 또는 생물제제의 용량을 의미한다.

[0371] 본 발명을 실행 시, 용량 간의 간격을 증가시키고 지속적인 효과를 성취하는 데 필요한 약물의 양을 감소시키기 위해 종료 반감기가 더 긴 CFXTEN이 일반적으로 바람직하다. 증대된 PK 매개변수는 특히 일상적 예방을 제공받는 A형 혈우병 피험체의 경우 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 당해 조성물의 투약을 감소시킨다.

[0372] XTEN을 포함하는 융합 단백질의 약동학적 특성에 관한 실시예에 더 완전히 기재된 것처럼, XTEN의 전체 길이 증가는, 단독으로든 또는 조합으로든, XTEN을 포함하는 융합 단백질의 종료 반감기의 불균형 증가를 부여한다는 것이 관찰되었다. 따라서, 본 발명은 CFXTEN 융합 단백질 및 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물을 제공하고, 여기서 CFXTEN은 피험체에 투여될 때 반감기 증대를 나타낸다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명은 하나 이상의 XTEN을 포함하는 단량체 CFXTEN 융합 단백질을 제공하고, 여기서 XTEN의 수 및 위치는 필적하는 용량으로 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 피험체에 투여되는 CFXTEN에 대한 종료 반감기 증가를 부여하도록 선택되고, 이 증가는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 7배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 9배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 15배 또는 적어도 20배 또는 적어도 40배 이상 더 긴 종료 반감기 증가이다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 CXTEN 조성물 및 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물을 제공하고, 여기서 이를 필요로 하는 피험체에 대한 조성물의 투여는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII의 필적하는 용량과 비교하여 적어도 12시간 또는 적어도 약 24시간 또는 적어도 약 48시간 또는 적어도 약 96시간 또는 적어도 약 144시간 또는 적어도 약 7일 또는 적어도 약 14일 또는 적어도 약 21일 더 긴 종료 반감기를 생성시킨다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질을 필요로 하는 피험체에 대한 이 융합 단백질의 응고 유효 용량의 투여는 필적하는 용량으로 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 연속 용량 사이의 적어도 48시간 또는 적어도 72시간 또는 적어도 약 96시간 또는 적어도 약 120시간 또는 적어도 약 7일 또는 적어도 약 14일 또는 적어도 약 21일의 약 0.1IU/㎖의 혈액 수준을 유지시키는 데 필요한 연속 용량 사이의 시간 이득을 발생시킬 수 있다.

[0373] 일 실시형태에서, 본 발명은, 이를 필요로 하는 피험체에 투여될 때, 필적하는 용량으로 피험체에게 투여되고 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는

적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 100% 또는 적어도 약 150% 또는 적어도 약 200% 또는 적어도 약 300% 또는 적어도 약 500% 또는 적어도 약 1000% 또는 적어도 약 2000%의 AUC 증가를 나타내는 CFXTEN 융합 단백질 및 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다. 투약, 정기적 간격으로의 혈액 샘플의 채취 및 ELISA, HPLC, 방사능분석, 응고 검정, 표 49의 검정 또는 당해 분야에 공지되거나 본 명세서에 기재된 다른 방법을 이용한 단백질의 평가, 이후 반감기 및 다른 PK 매개변수를 도출하기 위한 데이터의 표준 계산을 포함하는 표준 방법에 의해 CFXTEN의 약동학적 매개변수를 결정할 수 있다.

[0374] 일 실시형태에서, 약 2배 미만 또는 약 3배 미만 또는 약 4배 미만 또는 약 5배 미만 또는 약 6배 미만 또는 약 8배 미만 또는 약 10배 미만 또는 초과의 더 적은 IU 양의 융합 단백질은 지혈을 유지하는 데 필요한 용량 섭생 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 투여되고, 융합 단백질은 지혈을 유지하는 데 필요한 XTEN에 연결되지 않은 FVIII의 상응하는 IU 양으로서 필적하는 곡선 하 면적을 성취한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질 또는 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물은 A형 혈우병 피험체의 일상적 예방에 덜 빈번한 투여를 요하고, 융합 단백질의 용량을 피험체에게 매 약 4일, 매 약 7일, 매 약 10일, 매 약 14일, 매 약 21일 또는 약 매월 투여하고, 융합 단백질은 피험체에게 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII에 필적하는 곡선 하 면적을 성취한다. 또 다른 실시형태에서, 약 5% 또는 약 10% 또는 약 20% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90% 미만의 더 적은 누적 IU 양의 융합 단백질을 0.1IU/㎖의 혈중 농도를 성취하는 데 필요한 용량 섭생 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 IU 양의 FVIII과 비교하여 피험체에 투여하지만, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII에 적어도 필적하는 곡선 하 면적을 성취한다. 더 적은 누적 IU 양은 적어도 약 1주 또는 약 14일 또는 약 21일 또는 약 1개월의 기간 동안 측정된다.

[0375] 일 양태에서, 본 발명은 FVIII 결합제에 의한 결합을 감소시켜, 피험체에게 투여된 CFXTEN의 종료 반감기를 증가시키면서, 응고촉진 활성을 여전히 보유하도록 설계된 CFXTEN 조성물을 제공한다. 본 발명의 CFXTEN은 FVIII 응고 인자에 대한 비구조화 XTEN의 첨가에 의해 분자의 능동 청소 감소에 의해 성취되는 비교적 더 높은 및/또는 지속적인 활성을 갖는 것으로 생각된다. 순환으로부터 FVIII을 제거하는 청소 기전은 아직 완전히 설명되지 않는다. 응고 단백질의 섭취, 제거 및 불활성화는 순환계 및 혈관외 공간에서 발생할 수 있다. 응고 인자는 다수의 다른 단백질, 지질 및 수용체와 상호작용하는 복합체 단백질이고, 많은 이 상호작용은 순환으로부터 CF의 제거에 기여할 수 있다. 단백질 폰빌레브란트 인자는 FVIII에 결합하는 FVIII 결합제의 예이다. VIII 인자 및 폰빌레브란트 인자(VWF)는 VWF가 활성 개열 기전으로부터 FVIII의 보호에 기여할 것 같은 담체로서 작용하지만, 그럼에도 불구하고 FVIII의 종료 반감기를 제한하는 단단한 비공유 결합된 복합체로서 혈액에서 순환한다. 예를 들면: (ⅰ) VWF는 FVIII의 이형이합체 구조를 안정화시키고; (ii) VWF는 활성화된 단백질 C 및 활성화된 FX(FXa)와 같은 인지질 결합 프로테아제에 의한 단백질분해로부터 FVIII을 보호하며; (iii) VWF는 활성화된 혈소판 내에 노출된 음으로 하전된 인지질 표면에 대한 FVIII의 결합을 방해하고; (iv) VWF는 활성화된 FIX(FIXa)에 대한 FVIII의 결합을 억제하여, FX-활성화 복합체에 대한 FVIII 접근을 부인하며; (ⅴ) VWF는 FVIII의 세포 섭취를 방지한다(Lenting, P.J., et al., J Thrombosis and Haemostasis (2007) 5(7):1353-1360). 또한, LDL 수용체 관련 단백질(α2-마크로글로불린 수용체로도 공지된 LRP1 또는 CD91)은 FVIII에 대한 후보 청소 수용체로서 확인되었고, LRP1 결합 자리는 FVIII의 이형이합체 형태의 사슬 둘 다에 확인되었다(Lenting PJ, et al.,. J Biol Chem (1999) 274: 23734-23739; Saenko EL, et al., J Biol Chem (1999) 274: 37685-37692). LRP는 프로테아제, 쿠니츠 유형의 억제제, 프로테아제 세르핀 복합체, 리파제 및 지단백질을 포함하는 다양한 리간드의 청소에 관여한다(Narita, et al., Blood (1998) 2:555-560). VIII 인자의 중쇄가 아닌 경쇄는 표면 노출된 LRP1 수용체 단백질에 결합하는(Lentig et al. (J Biol Chem (1999) 274(34):23734-23739; 및 미국 특허 제6,919,311) 것으로 밝혀졌고, 이는 LRP1이 FVIII과 같은 단백질의 능동 청소에서 중요한 역할을 할 수 있다는 것을 제시한다. VWF-FVIII 상호작용이 친화도가 높지만(1nM 미만), 복합체는 그럼에도 불구하고 동적 평형에 있어서, FVIII 분자의 적지만 상당 부분(5-8%)이 유리 단백질로서 순환한다(Leyte A, et al., Biochem J (1989) 257: 679-683; Noe DA. Haemostasis (1996) 26: 289-303). 그러므로, 네이티브 FVIII의 일부는 VWF에 의해 비보호되어, 능동 청소 기전이 순환으로부터 비보호된 FVIII을 제거하도록 한다.

[0376] 일 실시형태에서, 본 발명은 VWF와 관련되지만 FVIII 분자 내의 하나 이상의 위치(예를 들면, 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 위치)에서 2개 이상의 XTEN의 편입에 의해 부여되는 능동 청소 수용체로부터 보호 증대를 갖는 CFXTEN을 제공하고, CFXTEN의 약동학적 특성이 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 증대되는 결과를 가지면서 XTEN은 생성된 CFXTEN과 이 청소 수용체와의 상호작용을 방해한다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 적어도 5% 미만 또는 약 10% 또는 약 20% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 미만의 VWF를 갖는 결합 친화도를 갖지만, 그럼에도 불구하고 FVIII 분자 내의 하나 이상의 위치에서 XTEN의 편입에 의해 부여되는 능동 청소 수용체로부터 보호 증대를 갖도록 구성된 CFXTEN을 제공하고,

XTEN은 VIII 인자와 이 수용체의 상호작용을 방해한다. 상기 실시형태에서, CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 12시간 또는 24시간 또는 48시간 또는 72시간 또는 96시간 또는 120시간 또는 144시간 또는 7일 또는 10일 또는 14일 또는 21일의 종료 반감기 증가를 갖는다. 본 발명은 청소가 감소된 CFXTEN을 생성하는 방법을 제공하고, 다수의 삽입을 갖는 생성된 CFXTEN 융합 단백질은 *실험실내* 결합 검정 또는 본 명세서에 기재된 *생체내* 약동학적 모델 또는 당해 분야에 공지된 다른 검정을 이용하여 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 청소 수용체에 대한 결합의 억제, 및 결합 감소를 나타내지만 응고촉진 FVIII 활성을 보유하는 것을 선택하는 것에 대해 평가된다. 또한, 상기 융합 단백질은 추가로 증대된 약동학적 특성을 성취하도록 적어도 2.0-3.5의 XTEN 반경 비율 증가를 갖도록 최적화될 수 있다. 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 및 도 8 내지 도 9는 VIII 인자 서열 내의 XTEN 삽입점의 비제한적인 예를 제공한다. 이러한 삽입점을 이용하여, 본 발명은 능동 청소 기전에 대한 보호를 추가로 증가시키고, 그러므로, CFXTEN의 종료 반감기를 증가시키도록 적어도 3개의 XTEN을 분리하는 약 100개 또는 약 200개 또는 약 300개 또는 약 400개 또는 약 500개의 아미노산과 삽입된 다수의 XTEN을 갖는 구성을 갖는 CFXTEN 조성물을 고려한다. 특정 이론에 구속되고자 함이 없이, 높은 순 전하를 갖는 CFXTEN 조성물의 XTEN(예를 들면, AE 패밀리 XTEN을 포함하는 CFXTEN)은, 상기 기재된 바대로, 혈관, 조직 또는 다양한 수용체와 같은 다양한 음으로 하전된 표면과 덜 비특이적인 상호작용을 갖는 것으로 예상되고, 이는 능동 청소 감소에 추가로 기여한다. 반대로, 낮은 순 전하(또는 이를 갖지 않는) CFXTEN 조성물의 XTEN(예를 들면, AG 패밀리 XTEN을 포함하는 CFXTEN)은, 응고 과정에 대한 세포(예를 들면, 혈소판) 및 혈관 표면의 공지된 기여 및 응고 인자의 활성화의 강도를 고려하여, 능동 청소에 기여하면서, 관련 응고 인자의 활성을 강화할 수 있는 표면과의 더 높은 정도의 상호작용을 갖는 것으로 예상된다(Zhou, R., et al., Biomaterials (2005) 26(16):2965-2973; London, F., et al. Biochemistry (2000) 39(32):9850-9858). 본 발명은, 부분적으로, 결합속도 감소 또는 분해속도 감소의 결과로서 청소 수용체에 대한 결합이 감소한 특정한 리간드가 무작위 코일을 형성하는 삽입된 XTEN에 의한 수용체 자리의 파괴에 의해 실행되어 결합이 감소한다는 사실의 이점을 취한다. CFXTEN 융합 단백질의 특정한 구성의 선택은 청소 수용체의 결합 정도를 감소시키는 이 구성을 확인하도록 본 명세서에 개시된 방법에 의해 시험될 수 있어서 능동 청소의 속도 감소가 성취된다. 일 실시형태에서, CFXTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 위치에서 삽입된 하나 이상의 XTEN을 갖는 FVIII-XTEN 서열을 포함하고, CFXTEN의 종료 반감기는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 20배 증가한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 제1 및 제2 위치에서 삽입된 제1 및 적어도 제2 XTEN을 갖는 FVIII-XTEN 서열을 포함하고, CFXTEN의 종료 반감기는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 20배 증가한다. 또 다른 실시형태에서, CFXTEN은 약 100개 또는 약 200개 또는 약 300개 또는 약 400개 또는 약 500개의 아미노산으로 분리된 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 3개 이상의 XTEN 삽입 위치를 이용하여 다수의 XTEN 서열을 편입하는 FVIII-XTEN 서열을 포함하고, CFXTEN의 종료 반감기는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 20배 증가한다. 이 문단에서 상기 기재된 상기 실시형태에서, CFXTEN 구성으로 편입된 XTEN은 동일하거나 상이할 수 있고, 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 서열과 적어도 약 80% 또는 90% 또는 91% 또는 92% 또는 93% 또는 94% 또는 95% 또는 96% 또는 97% 또는 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가질 수 있고, 표 12로부터의 하나 이상의 개열 서열을 임의로 포함할 수 있어서, CFXTEN 융합 단백질로부터 하나 이상의 XTEN의 방출을 수월하게 한다.

[0377] 일 실시형태에서, 본 발명은 하나 이상의 XTEN을 융합 단백질의 FVIII 성분에 연결함으로써 융합 단백질의 약동학을 증대시키는 CFXTEN을 제공하고, 융합 단백질은 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 7배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 또는 적어도 약 12배 또는 적어도 약 15배의 겉보기 분자량 인자의 증가를 갖고, CFXTEN의 종료 반감기는 피험체에 투여될 때 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 적어도 약 2배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 이상 증가한다. 적어도 2개 XTEN 분자가 CFXTEN으로 편입된 상기 실시형태에서, XTEN은 동일할 수 있거나 상이한 서열 조성물, 순 전하 또는 길이를 가질 수 있다. XTEN은 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 서열과 적어도 약 80% 또는 90% 또는 91% 또는 92% 또는 93% 또는 94% 또는 95% 또는 96% 또는 97% 또는 98% 또는 99%의 서열 동일성을 가질 수 있고, 표 12로부터의 하나 이상의 개열 서열을 임의로 포함할 수 있어서, CFXTEN 융합 단백질로부터 하나 이상의 XTEN의 방출을 수월하게 한다.

[0378] 따라서, 본 발명은 CFXTEN 조성물에서 XTEN의 유형 및 길이의 선택 및 배치에 의해 융합 단백질의 활성 정도, 생체이용률 가능성, 반감기 또는 물리화학적 특성이 조정될 수 있는 CFXTEN 조성물을 제공한다. 따라서, 본 발명은 표 1로부터의 FVIII 및 표 3, 표 4 또는 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 XTEN 또는 XTEN 단편이, 예를 들면 화학식 I 내지 VIII 중 임의의 하나로부터 선택되는 구성에서 제조되거나 XTEN이 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 위치에서 삽입되어 작제물이 원하는 특성을 갖는 조성물을 고려한다.

[0379] 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 필적하는 용량의 FVIII과 비교하여 적어도 2배 또는 적어도 3배 또는 적어도 4배 또는 적어도 5배 더 긴 기간 동안 이를 필요로 하는 피험체에서 FVIII 성분을 치료학적 수준으로 유지시킬 수 있는 CFXTEN 조성물을 제조하는 방법을 제공한다. 상기 방법의 일 실시형태에서, 피험체는 출혈 에피소드를 방지하도록 일상적 예방을 받는다. 상기 방법의 다른 실시형태에서, 피험체는 출혈 에피소드에 대한 치료를 받는다. 상기 방법의 다른 실시형태에서, 피험체는 응고촉진 FVIII의 순환하는 혈중 농도를 정상 혈장에서 FVIII 농도에 비해 1% 초과 또는 1 내지 5% 초과 또는 5 내지 40% 초과로 상승시키는 치료를 받는다. 본 명세서에 사용되는 "응고촉진"은 당해 분야에서의 이의 일반적인 의미를 갖고, 일반적으로 *실험실내* 검정 또는 *생체내* 혈전 형성을 촉진하는 활성을 의미한다. 치료학적 수준으로 FVIII 성분을 유지시킬 수 있는 조성물을 제조하는 방법은 소정의 용량 및 용량 섭생의 관점에서 원하는 약동학적 특성을 제공하기 위해 FVIII에 대한 접합에 적절한 하나 이상의 XTEN을 선택하는 단계, 본 명세서에 개시된 구성 중 하나에서 CFXTEN을 코딩하는 유전자 작제물을 생성하는 단계, 적절한 숙주 세포를 코딩 유전자를 포함하는 발현 벡터로 형질전환하는 단계, 적합한 배양 조건 하에 융합 단백질을 발현시키는 단계, CFXTEN을 회수하는 단계, 포유동물에게 CFXTEN을 투여한 후 CFXTEN 융합 단백질의 약동학적 특성 및 활성(예를 들면, 지혈을 유지시키거나 응고촉진으로 작용하는 능력) 및 투여된 조성물의 안전성을 검증하는 검정을 수행하는 단계를 포함한다. 원하는 특성을 나타내는 조성물은 추가의 사용을 위해 선택된다. 본 명세서에 제공된 방법에 의해 생성된 CFXTEN은 응고촉진 FVIII 성분의 순환하는 농도를 증가된 기간 동안 치료학적 수준으로 유지시킴으로써, 다른 특성 중에서, 투여된 조성물의 효율을 증가시킬 수 있다.

[0380] 본 발명은 원하는 정도의 응고촉진 및 치료학적 활성 및 약동학적 특성, 및 충분한 안전성 프로파일을 갖는 CFXTEN을 제공하기 위해 조성 또는 구성이 다른 CFXTEN 융합 단백질을 평가하는 방법을 제공한다. CFXTEN으로 편입되도록 각각 구성된 CFXTEN 및/또는 FVIII 성분의 활성 및 기능적 특성을 평가하기 위해 실시예의 검정, 표 49의 검정 및 하기 검정 또는 FVIII의 특성 및 효과를 평가하기 위해 당해 분야에 공지된 다른 검정(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 구체적인 *실험실내* 및 *생체내* 검정 또는 동물 모델을 이용한다. 무엇보다도 1단계 응고 검정 및 2단계 응고 검정(Barrowcliffe TW, Semin Thromb Hemost. (2002) 28(3):247-256), 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 검정(Belaaouaj AA et al., J. Biol. Chem. (2000) 275:27123-8; Diaz-Collier JA. Haemost (1994) 71:339-46), 발색 FVIII 검정(Lethagen, S., et al., Scandinavian J Haematology (1986) 37:448-453) 또는 출혈 시간 또는 혈전탄성묘사도(thrombelastography)(TEG 또는 ROTEM)를 포함하는 동물 모델 약물학적 검정과 같은 응고 활성의 결정을 허용하는 기능적 검정을 수행할 수 있다. 다른 검정은 결합 또는 경쟁적 결합 검정, 예컨대 칩 결합 수용체 또는 결합 단백질에 의한 비아코어 검정 또는 미국 특허 제5,534,617호에 기재된 ELISA 검정, 본 명세서의 실시예에 기재된 검정, 방사-수용체 검정 또는 당해 분야에 공지된 다른 검정을 이용하여 표적 기질에 대한 CFXTEN의 결합 친화도를 결정하는 것을 포함한다. CFXTEN에 대한 FVIII 억제제의 결합을 결정하는 다른 검정은 베데스다 검정 또는 베데스다 검정의 네이메헨 변형을 포함한다. 상기 검정은 또한 FVIII 서열 변이체를 평가하도록(단일 성분 또는 CFXTEN 융합 단백질로서 평가됨) 이용될 수 있고, CFXTEN에서의 내포에 적합하도록 네이티브 CF 또는 이의 몇몇 분획과 동일한 정도의 응고촉진 활성; 예를 들면, 네이티브 FVIII과 비교하여 적어도 약 10% 또는 적어도 약 20% 또는 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90%의 활성을 갖는지를 결정하기 위해 네이티브 FVIII과 비교될 수 있다.

[0381] 용량 최적화는 모든 약물에 중요하다. 치료학적 유효 용량 또는 양의 CFXTEN은 개인의 질환 상태, 연령, 성별 및 체중 및 개인에서 원하는 반응을 이끄는 투여된 융합 단백질의 능력과 같은 인자에 따라 달라진다. 예를 들면, 다양한 출혈 병증 또는 비정상 임상 매개변수(예를 들면, 중화 항체)를 제시하는 모든 환자에 대한 FVIII의 정규화 단일 용량은 항상 효과적인 것은 아닐 수 있다. 수술을 받거나 FVIII 억제 항체의 높은 역가를 갖는 외상을 입은 A형 혈우병 환자는 일반적으로 더 높거나 더 빈번한 투약을 필요로 한다. 일반적으로, 각각의 환자의 출혈 에피소드의 중증도 및 기간을 유지시키는 데 있어서 빈도, 기간 및 단위에서 용량 수준이 조정된다. 따라서, CFXTEN은 표준 응고 검정에 의해 측정될 때 출혈을 중지시키기 위해 치료학적 유효량의 융합 단백질을 환자

에게 전달하기에 충분한 양으로 약제학적으로 허용되는 담체, 전달 비히클 또는 안정화제에 포함된다. 이 인자의 고려는 임상 개선 또는 출혈 정지가 성취되지 않도록 불충분한 효능을 발생시키는 양에 대해 치료학적 또는 약리학적 유효량의 CFXTEN 및 적절한 투약 스케줄을 결정할 목적으로 통상의 숙련의의 이해범위 내에 있다.

[0382] 본 발명은 본 발명의 CFXTEN 약제학적 조성물에 대한 용량 섭생을 확립하는 방법을 제공한다. 상기 방법은 원하는 매개변수, 혈액 수준 또는 임상 효과를 성취하고/하거나 유지시키기에 충분한 투약 간격을 결정하기 위해 용량 사이의 다양한 기간을 이용하는 치료학적 유효량의 CFXTEN 약제학적 조성물의 연속 용량의 투여를 포함하고; 효과적인 간격에서의 치료학적 유효량의 이러한 연속 용량은 VIII 인자 관련 질환 상태 또는 병증에 대한 CFXTEN에 대한 치료학적 유효 용량 섭생을 확립한다. 예방학적 유효량은 생리학적 또는 임상 결과 또는 사건을 방지하는 것; 예를 들면, 지연된 출혈 에피소드 발병 또는 응고촉진 FVIII 또는 등가물의 혈중 농도를 임계 수준 초과(예를 들면, 정상의 1-5% 내지 5 내지 40%)로 유지시키는 것에 필요한 기간에 필요한 CFXTEN의 양을 의미한다. 치료 방법에서, 피험체에게 투여되는 CFXTEN이 용량은 피험체에 대해 약 5 내지 300IU/kg/용량 또는 약 10 내지 100IU/kg/용량 또는 약 20 내지 약 65IU/kg/용량 또는 약 20 내지 약 40IU/kg/용량 범위이다. 적합한 용량은 또한 약물에 대한 반응에 영향을 미칠 수 있는 다른 인자에 따라 달라질 수 있고; 예를 들면, 출혈 에피소드는 일반적으로 예방과 비교하여 더 빈번한 간격으로 더 높은 용량을 요한다.

[0383] 몇몇 실시형태에서, 상기 방법은 CFXTEN 융합 단백질 조성물 및 적어도 하나의 약제학적으로 허용되는 담체를 포함하는 치료학적 유효량의 약제학적 조성물을 이를 필요로 하는 피험체에게 투여하는 단계를 포함하고, 투여는, 필적하는 용량으로 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII을 포함하는 약제학적 조성물의 투여에 의해 중재되는 매개변수, 병증 또는 임상 결과에 대한 효과와 비교하여, FVIII 결핍증 또는 응고이상과 관련된 적어도 하나의 매개변수 또는 생리학적 병증의 더 큰 개선을 발생시키거나 CFXTEN의 FVIII 성분에 의해 중재되는 더 양호한 임상 결과를 발생시킨다. 개선된 매개변수의 비제한적인 예는 응고촉진 FVIII의 혈중 농도, 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 검정 시간 감소, 1단계 또는 2단계 응고 검정 시간 감소, 출혈 에피소드 발병 지연, 발색 FVIII 검정 시간 감소, 출혈 시간 감소, 출혈 사건 해소 또는 네이티브 FVIII에 비해 CFXTEN에 대한 베데스다 역가 감소를 포함한다. 상기의 일 실시형태에서, 임계 수준을 초과(예를 들면, 정상 FVIII 수준의 1-5% 내지 5 내지 40%)하는 응고촉진 FVIII(또는 등가물)의 순환하는 농도를 성취하는 용량으로 CFXTEN 약제학적 조성물을 투여하여, 치료학적 유효 용량을 확립함으로써 개선이 성취된다. 상기의 다른 실시형태에서, 투약 기간 동안 임계 수준을 초과(예를 들면, 정상 FVIII 수준의 1-5% 내지 5 내지 40%)하는 응고촉진 FVIII(또는 등가물)의 순환하는 농도를 유지시키는 치료학적 유효 용량 섭생을 이용하는 CFXTEN 약제학적 조성물의 다수의 연속 용량의 투여에 의해 개선이 성취된다. 상기 방법의 다른 실시형태에서, 치료학적 유효 용량 섭생을 이용하는 CFXTEN 약제학적 조성물의 적어도 2의 연속 용량의 투여는 치료학적 유효 용량 섭생을 이용하여 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 약 3배 긴; 대안적으로 적어도 약 4배 긴; 대안적으로 적어도 약 5배 긴; 대안적으로 적어도 약 6배 긴; 대안적으로 적어도 약 7배 긴; 대안적으로 적어도 약 8배 긴; 대안적으로 적어도 약 9배 긴 또는 적어도 약 10배 긴 기간 동안 정상 FVIII 수준의 약 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 10%, 15%, 20%, 30% 또는 40%를 초과하는 응고촉진 FVIII(또는 등가물)의 순환하는 농도를 유지시킨다.

[0384] 일 실시형태에서, 치료학적 유효 용량 섭생으로 투여되는 CFXTEN 또는 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물은 피험체에게 필적하는 용량 섭생으로 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 융합 단백질의 상응하는 생물학적 활성 단백질과 비교하여 융합 단백질의 혈액 수준에 대해 적어도 2의 연속 C_{max} 피크 및/또는 C_{min} 트로프 사이에 적어도 약 3배 긴; 대안적으로 적어도 약 4배 긴; 대안적으로 적어도 약 5배 긴; 대안적으로 적어도 약 6배 긴; 대안적으로 적어도 약 7배 긴; 대안적으로 적어도 약 8배 긴; 대안적으로 적어도 약 9배 긴 또는 적어도 약 10배 긴 시간 이득을 발생시킨다. 다른 실시형태에서, 치료학적 유효 용량 섭생으로 투여된 CFXTEN은 FVIII에 대한 치료학적 유효 용량 섭생을 이용하여 피험체에게 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 생물학적 활성 단백질 성분(들)과 비교하여 덜 빈번한 투약을 이용하는 1개 또는 2개 또는 3개 이상의 측정된 매개변수의 필적하는 개선 또는 약제학적 조성물의 융합 단백질의 IU의 전체 용량 감소를 발생시킨다. 측정된 매개변수는 본 명세서에 개시된 임의의 임상, 생물화학 또는 생리학적 매개변수 또는 VIII 인자 관련 병증을 갖는 피험체를 평가하기 위한 당해 분야에 공지된 기타를 포함한다.

[0385] (b) CFXTEN의 약리학적 및 약제학적 특성

[0386] 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 약제학적 및 약리학적 특성이 증대된 XTEN에 공유 결합된 FVIII을 포함하는 CFXTEN 조성물 및 조성물의 FVIII 성분의 치료학적 및/또는 응고촉진 효과를 증대시키는 방법을 제공한다. 또한, 본 발명은 알부민, 면역글로불린 폴리펩타이드 파트너, 더 짧은 길이의 폴리펩타이드 및/또

는 반복 서열을 갖는 폴리펩타이드 파트너를 포함하는 VIII 인자의 이 기술에 공지된 융합 단백질과 비교하여 특성이 증대된 CFXTEN 조성물을 제공한다. 또한, CFXTEN 융합 단백질은 화학 접합체, 예컨대 FVIII의 페길화 작제물에 대한 상당한 이점, 특히 재조합 CFXTEN 융합 단백질이 생성물의 조사 및 개발 및 제조 단계 둘 다에서 시간 및 비용을 감소시킬 수 있는 숙주 세포 발현 시스템에서 제조될 수 있고, 페길화 접합체와 비교하여 CFXTEN의 생성물 및 대사물질 둘 다로부터 독성이 적은 더 균질한 한정된 생성물을 생성시킨다는 사실을 제공한다.

[0387] 치료제로서, CFXTEN은 XTEN을 포함하는 치료제에 비해 용해도 증가, 열 안정성 증가, 면역원성 감소, 겉보기 분자량 증가, 신장 청소 감소, 단백질분해 감소, 대사 감소, 치료학적 효율 증대, A형 혈우병을 지닌 피험체에서 지혈을 유지시킬 수 있는 용량 사이의 시간 증가와 함께 덜 빈번한 용량 섭생, 피하로 또는 근육내 CFXTEN 조성물을 투여하는 능력, 피하로 또는 근육내 투여될 때 흡수 속도 "조정", 동결건조 안정성 증대, 혈청/혈장 안정성 증대, 종료 반감기 증가, 혈류에서의 용해도 증가, 중화 항체에 의한 결합 감소, 능동 청소 감소, 기질 결합 친화도 조정, 분해에 대한 안정성, 동결-해동에 대한 안정성, 프로테아제에 대한 안정성, 유비퀴틴화에 대한 안정성, 투여 용이, 다른 약제학적 부형제 또는 담체와의 상용성, 피험체에서의 지속성, 저장 시 안정성 증가(예를 들면, 유통기한 증가) 등의 하나 이상의 비제한적인 특성을 포함하는 다수의 이점을 갖는다. 특성 증대의 순 효과는 CFXTEN 조성물의 사용이 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 전체 증대된 치료학적 효과를 발생시킬 수 있어서, 덜 빈번한 투약과 관련된 경제적 이익을 발생시키고/시키거나 VIII 인자 관련 병증을 갖는 피험체에게 투여될 때 개선된 환자 순응도를 발생시킨다는 것이다.

[0388] 본 발명은 CFXTEN 조성물 및 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물을 제공하고, 조성물의 투여는 피험체 질환, 병증 또는 장애를 평가하는 데 유용한 것으로 본 명세서에 개시된 적어도 하나의 임상 또는 생물화학 매개변수를 개선한다. 개선되는 매개변수의 비제한적인 예는 응고촉진 FVIII의 혈중 농도, 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 검정 시간 감소, 1단계 또는 2단계 응고 검정 시간 감소, 출혈 에피소드 발병 지연, 발색 FVIII 검정 시간 감소, 출혈 시간 감소, 출혈 사건 해소 또는 네이티브 FVIII에 비해 CFXTEN에 대한 베데스다 역가 감소를 포함한다. 당해 CFXTEN의 증대된 약동학적 특성은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 성분과 비교하여 매개변수를 유지시키기 위해 누적된 더 낮은 IU 용량의 융합 단백질을 사용하는 것을 허용한다. 일 실시형태에서, 약 2-7일 동안 적어도 하나의 매개변수에서 개선을 성취하고 유지시키는 데 필요한 실시형태의 CFXTEN의 IU에서의 전체 용량은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 성분과 비교하여 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 낮다. 다른 실시형태에서, 적어도 하나의 매개변수에서 개선을 성취하고 유지시키는 데 필요한 당해 CFXTEN의 IU에서의 전체 용량은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 성분과 비교하여 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 낮다. 대안적으로, 본 발명은 CFXTEN의 특정한 실시형태를 제공하고, 적어도 하나의 매개변수에서 개선을 성취하고 유지시키는 연속 투여 사이의 기간은 필적하는 IU 용량으로 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 성분과 비교하여 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 또는 적어도 약 8배 또는 적어도 약 10배 길다. 대안적으로, 본 발명은 CFXTEN의 특정한 실시형태를 제공하고, 25IU/kg의 투여는 투여 후 약 2-7일에 평가될 때 XTEN에 연결되지 않은 25IU/kg의 상응하는 FVIII과 비교하여 A형 혈우병 피험체에서 aPTT 검정(또는 유사한 응고 검정) 시간을 30% 개선한다. 또 다른 실시형태에서, 본 발명은 CFXTEN을 제공하고, 25IU/kg의 투여는 투여 후 약 2-7일에 평가될 때 XTEN에 연결되지 않은 25IU/kg의 상응하는 FVIII과 비교하여 A형 혈우병 피험체에서 출혈 시간 검정 시간을 30% 개선한다.

[0389] 일 실시형태에서, 융합 파트너로서의 XTEN은 FVIII 페이로드의 용해도를 증가시킨다. 따라서, 수성 용해도 또는 안정성의 정도와 같은 FVIII의 약제학적 또는 물리화학적 특성 증대가 바람직한 경우, 융합 단백질로 편입된 XTEN 서열의 길이 및/또는 모티프 패밀리 조성물은 각각의 융합 단백질에 상이한 정도의 용해도 및/또는 안정성을 부여하도록 각각 선택되어 CFXTEN 조성물의 전체 약제학적 특성은 증대된다. CFXTEN 융합 단백질은 본 명세서에 기재된 방법을 이용하여 작제되고 평가되어 물리화학적 특성 및 XTEN 길이 서열의 선택 또는 필요한 바의 조정된 위치를 확인하여, 원하는 특성을 발생시킬 수 있다. 일 실시형태에서, CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII보다 적어도 약 25% 더 큰 또는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII보다 적어도 약 30% 또는 적어도 약 40% 또는 적어도 약 50% 또는 적어도 약 75% 또는 적어도 약 100% 또는 적어도 약 200% 또는 적어도 약 300% 또는 적어도 약 400% 또는 적어도 약 500% 또는 적어도 약 1000% 더 큰 수성 용해도를 갖는다.

[0390] 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 용해도가 증대되고 회수가 용이한 숙주 세포로부터 발현된 CFXTEN을 제조하고 회수하는 방법을 제공한다. 일 실시형태에서, 상기 방법은 약 100개 초과 또는 약 200개 초

과 또는 약 400개 초과 또는 약 600개 초과 또는 약 800개 초과 또는 약 1000개 초과 또는 약 2000개 초과 또는 약 3000개 초과의 아미노산 잔기의 누적 서열 길이의 하나 이상의 XTEN 성분을 갖는 CFXTEN을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드로 진핵 숙주 세포를 형질전환하는 단계, 적합한 배양 및 유도 조건 하에 숙주 세포에서 CFXTEN 융합 단백질을 발현하는 단계 및 가용성 형태의 발현된 융합 단백질을 회수하는 단계를 포함한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질의 하나 이상의 XTEN은 각각 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 하나 이상의 XTEN 또는 이의 단편과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖고, FVIII은 표 1로부터 선택된 FVIII과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 또는 100%의 서열 동일성을 갖고, CFXTEN 성분은 본 명세서에 개시된 구성 실시형태 중 임의의 하나로부터 선택된 N 내지 C 말단 구성에 있다.

[0391] **VI). CFXTEN 조성물의 사용**

[0392] 본 발명은 CFXTEN을 포함하는 조성물의 투여에 의해 VIII 인자 관련 병증에서 유리한 효과를 성취하기 위한 방법 및 섭생을 제공한다. 본 명세서에 사용되는 "VIII 인자 관련 병증"은 VIII 인자 결핍증, VIII 인자 결핍증과 관련된 출혈 장애, A형 혈우병, 항-FVIII 항체 또는 다른 VIII 인자 억제제에 의한 VIII 인자의 중화 및 외상 또는 수술 또는 혈관 손상으로부터 생기는 출혈 에피소드 및 피험체에 대한 FVIII의 투여에 의해 경감되거나 교정될 수 있는 다른 병증을 포함하도록 의도되지만, 이들로 제한되지는 않는다. 본 발명의 방법은 비교적 짧은 종료 반감기를 갖거나, 빈번한 투여를 요하거나, 억제제에 의해 중화되거나, 양호하지 않은 약물경제학을 갖는 VIII 인자 제제를 이용한 치료의 다른 방법의 단점 및/또는 제한을 해소하면서 유리한 효과를 성취한다.

[0393] 지혈은 다수의 단백질 인자 및 이러한 단백질에 의해 조절되고, 이의 유사체는 VIII 인자 관련 병증의 치료에서 이용성이 확인되었다. 그러나, 상업적으로 구입 가능한 FVIII의 사용은 이러한 병증으로 고생하는 피험체의 관리에서 최적보다 낮은 성공을 충족시킨다. 특히, 용량 최적화 및 투약 빈도는 순환하는 FVIII 농도를 지혈에 필요한 임계 수준 초과로 유지시키기 위해 사용되는 FVIII, 및 A형 혈우병 피험체에서 출혈 에피소드의 치료 또는 예방에 중요하다. 상업적으로 구입 가능한 FVIII 생성물이 짧은 반감기를 갖는 사실은 임상 이익을 성취하기 위해 빈번한 투여를 필요로 하여, 이러한 환자를 관리하는 데 어려움이 발생한다.

[0394] (2000년 11월 29일자에 ISTH 웹사이트에 개재한) 혈전증 및 지혈에 대한 국제 협회의 과학 및 규격 위원회의 VIII 인자 및 IX 인자에 대한 소위원회에 의해 입증된 바대로, 중증의 A형 혈우병의 가장 널리 사용되는 조치는 혈장 FVIII 응고촉진 수준의 순환하는 농도를 결정함으로써 확립되고, 1% 미만(0.01IU/㎖ 미만)의 VIII 인자를 갖는 사람은 중증으로 정의되고; 1-5%(0.01-0.05IU/㎖)는 중등도 중증으로 정의되고; 5 초과-40%(0.05-0.40IU/㎖ 미만)는 중등도로 정의되고, 정상은 VIIIC 인자의 1IU/㎖(100%)이다.

[0395] 본 발명은 VIII 인자 관련 병증으로 고생하거나 이를 진행시킬 위험에 있는 피험체를 치료하는 방법을 제공한다. 더 특히, 본 발명은 피험체에서 출혈을 치료하거나 예방하거나 제어하는 방법을 제공한다. 피험체는 임의의 동물이지만, 바람직하게는 인간이다. 일 실시형태에서, 상기 방법은 응고 유효량의 CFXTEN 조성물을 이를 필요로 하는 피험체에게 투여하는 단계를 포함한다. 다른 실시형태에서, 상기 방법은 CFXTEN을 포함하는 응고 유효량의 약제학적 조성물을 출혈을 갖는 피험체에게 투여하는 단계를 포함하고, 투여는 출혈을 정지시키거나 약화시킨다. 본 명세서에 사용되는 "응고 유효량"은, 피험체에 투여될 때, 지혈 또는 다른 유리한 또는 원하는 치료학적(예방학적 포함) 결과를 수행하기에 충분한 FVIII 조성물의 양이다. 본 발명을 실행 시, 하나 이상의 투여로 응고 유효량을 투여할 수 있는 것으로 이해된다. 투여되는 정확한 응고 유효량의 약제학적 조성물은 숙련의의 판단에 의해 지시되지만, 단위 용량은 일반적으로 출혈의 중증도 또는 원인 및 피험체에서 이미 존재하는 FVIII의 양에 따라 달라진다. 출혈을 치료하는 방법의 특정한 실시형태에서, CFXTEN을 포함하는 응고 유효량의 약제학적 조성물을 출혈 에피소드로 고생하는 피험체에게 투여하고, 투여는 필적하는 용량으로 필적하는 출혈을 갖는 필적하는 피험체에 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 2배 또는 적어도 3배 또는 적어도 4배 긴 기간 동안 출혈을 해소한다.

[0396] 다른 실시형태에서, VIII 인자 관련 병증을 갖는 피험체에 대한 응고 유효량의 CFXTEN 조성물의 투여는 투여 후 2일 내지 7일에 측정될 때 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 FVIII 병증과 관련된 하나 이상의 생물화학적, 생리학적 또는 임상 매개변수를 10% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 이상 개선한다. 다른 실시형태에서, 응고 유효량의 CFXTEN 조성물의 이를 필요로 하는 피험체에 대한 투여는 필적하는 용량으로 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII에 의해 성취되는 기간과 비교하여 적어도 2배 긴 또는 적어도 4배

긴 또는 적어도 5배 긴 또는 적어도 6배 긴 기간 동안 FVIII 병증과 관련된 하나 이상의 생물화학적, 생리학적 또는 임상 매개변수를 개선한다. 더 긴 기간 동안 개선되는 매개변수의 비제한적인 예는 당해 분야에 공지된 다른 FVIII 관련 매개변수 중에서 응고촉진 FVIII의 혈중 농도, 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 검정 시간 감소, 1단계 또는 2단계 응고 검정 시간 감소, 출혈 에피소드 발병 지연, 발색 FVIII 검정 시간 감소, 출혈 시간 감소를 포함한다. 이 문단의 상기 실시형태에서, 투여된 CFXTEN은 표 1의 VIII 인자와 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 FVIII 및 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택되거나 도 8 내지 도 9에 도시된 하나 이상의 위치에서 FVIII로 삽입된 표 4의 XTEN과 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 하나 이상의 XTEN 서열을 포함한다. 특정한 실시형태에서, CFXTEN의 적어도 하나의 XTEN 삽입 부위는 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 390번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번(성숙 네이티브 인간 FVIII에 대해 넘버링됨) 아미노산으로부터 선택된다.

[0397] 치료 방법의 특정한 실시형태에서, A형 혈우병으로 고생하는 피험체에게 투여된 응고 유효량의 CFXTEN 융합 단백질은 순환하는 FVIII 응고촉진 농도를 0.05IU/㎖ 초과로 증가시키고 적어도 약 24시간 또는 적어도 약 48시간 또는 적어도 약 72시간 또는 적어도 약 96시간 또는 적어도 약 120시간 또는 적어도 약 144시간 또는 적어도 약 168시간 이상 동안 지혈을 유지시키기에 충분하다. 다른 실시형태에서, CFXTEN을 포함하는 응고 유효량의 약제학적 조성물의 이를 필요로 하는 피험체에 대한 투여는 XTEN에 연결되지 않은 필적하는 양의 상응하는 FVIII의 투여 후 피험체에서의 검정 시간과 비교하여 투여 후 2-7일에서 피험체로부터의 혈액 샘플에서 적어도 약 5% 또는 약 10% 또는 약 20% 또는 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 이상의 1단계 응고 검정 시간의 더 큰 감소를 발생시킨다. 다른 실시형태에서, 치료학적 유효량의 CFXTEN 또는 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물의 이를 필요로 하는 피험체에 대한 투여는 XTEN에 연결되지 않은 필적하는 양의 상응하는 FVIII의 투여 후 피험체에서의 활성화 부분 프로트롬빈 시간과 비교하여 투여 후 2-7일에서 피험체로부터의 혈액 샘플에서 적어도 약 5% 또는 약 10% 또는 약 20% 또는 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 이상의 활성화 부분 프로트롬빈 시간의 더 큰 감소를 발생시킨다. 다른 실시형태에서, 치료학적 유효량을 이용한 CFXTEN 또는 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물의 이를 필요로 하는 피험체에 대한 투여는 필적하는 용량을 이용하는 피험체에게 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 적어도 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 긴 기간 동안 피험체로부터의 혈액 샘플에서 정상의 30% 내로 활성화 부분 프로트롬빈 시간을 유지시킨다.

[0398] 치료 방법의 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질은 약제학적으로 허용되는 부형제와 혼합된 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물로서 제제화되고 투여된다. 약제학적 제제를 제조하는 방법은 당해 분야에 널리 공지되어 있다. 기법 및 제제는 일반적으로 문헌[Remington's Pharmaceutical Sciences, 18th Edition, Mack Publishing Co., Easton, Pa. 1990]에서 확인할 수 있다(또한, 문헌[Wang and Hanson, Parenteral Formulations of Proteins and Peptides: Stability and Stabilizers, Journal of Parenteral Science and Technology, Technical Report No. 10, Supp. 42-2S (1988)]을 참조한다).

[0399] 다른 양태에서, 본 발명은 A형 혈우병 환자를 치료하는 섭생을 제공하고, 상기 섭생은 CFXTEN 융합 단백질을 포함하는 조성물을 포함한다. A형 혈우병 환자를 치료하는 섭생의 일 실시형태에서, 상기 섭생은 환자에서 지혈을 성취하는 데 필요한 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물의 양을 결정하는 단계를 추가로 포함한다. 상기 섭생의 몇몇 실시형태에서, (ⅰ) CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물의 약 2배 미만 또는 약 3배 미만 또는 약 4배 미만 또는 약 5배 미만 또는 약 6배 미만 또는 약 8배 미만 또는 약 10배 미만의 더 작은 IU 양을 그외 동일한 용량 섭생 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 응고 인자와 비교하여 이를 필요로 하는 피험체에게 투여하고, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 (IU/㎖에 기초하는) 필적하는 곡선 하 면적 및/또는 필적하는 치료학적 효과를 성취하거나; (ii) 약제학적 조성물을 그외 동일한 용량 양 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 덜 빈번하게(예를 들면, 매 3일, 매 약 7일, 매 약 10일, 매 약 14일, 매 약 21일 또는 약 매달) 투여하고, 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 응고 인자와 필적하는 곡선 하 면적 및/또는 필적하는 치료학적 효과를 성취하거나; (iii) 약제학적 조성물의 적어도 약 20% 또는 약 30% 또는 약 40% 또는 약 50% 또는 약 60% 또는 약 70% 또는 약 80% 또는 약 90% 미만의 누적하는 더 작은 IU 양을 그외 동일한 용량 스케줄 하에 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 투여하고, CFXTEN 융합 단백질은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 필적하는 치료학적 효과를 성취한다. 누적하는 더 작은 IU 양을 적어도 약 1주 또는 약 14일 또는 약 21일 또는 약 1달의 기간 동안 측정한다. 상기 실시형태에서, 치료학적 효과는 응고촉진 FVIII의 혈중 농도, 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 검정 시간 감소, 1단계 또는 2단계 응고 검정 시간 감소, 출혈 에피소드 발병 지연, 발색 FVIII 검정 시간 감소, 출혈 시간 감소, 출혈 사건 해소 또는 네이티브 FVIII에

비한 CFXTEN에 대한 베데스다 역가 감소, 피브리노겐 수준 또는 FVIII의 응고장애를 평가하는 당해 분야에 공지된 다른 검정(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 본 명세서에 기재된 임의의 측정된 매개변수에 의해 결정될 수 있다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 유효량의 2 이상의 연속 용량으로 CFXTEN 조성물을 피험체에게 투여하는 단계를 포함하는 A형 혈우병 피험체를 치료하는 섭생에서 사용하기 위한 CFXTEN을 제공하고, 투여는 필적하는 용량을 이용하여 투여되는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 질환과 관련된 적어도 1개, 2개 또는 3개의 매개변수의 적어도 10% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 또는 80% 또는 90%의 더 큰 개선을 발생시킨다.

[0400] 일 양태에서, 본 발명은 FVIII에 대한 이미 존재하는 억제제(들)를 갖는 환자, 임의로 A형 혈우병 환자에서 출혈을 예방하거나 치료하는 방법에 관한 것이다. FVIII에 대한 억제 항체는 흔히 혈우병에서 진행하고, 특히 FVIII 농축물에 많이 노출된 혈우병 환자에서 억제제를 진행시키는 전체 발병률은 15-30%이다(Algiman et al. Natural antibodies to factor VIII (anti-hemophilic factor) in healthy individuals. PNAS USA (1992) 89: 3795-3799). 그러나, 억제 항체는 또한 자가면역 질환, 악성종양(예컨대, 림프증식성 질환, 림프종 및 고형 종양), 임신 동안 및 산욕 상태에서의 환자에서 발생한다. 항체가 FIX 및 FX에 대한 FVIII의 결합을 방해할 때 억제가 또한 발생할 수 있다. 동시에 또는 대안적으로, 항-FVIII 항체는 FVIII에 대한 폰빌레브란트 인자 및/또는 인지질의 결합을 방해하여, FVIII의 응고 및/또는 반감기에 영향을 미칠 수 있다. 억제 항체의 존재는 대개 처음에 쉽게 멍드는 것 및 제어되지 않는 출혈과 같은 증상으로 검출되고, 보통 후천성 혈우병이라 칭한다. 응고 검정에서의 항-FVIII 활성의 정량화, FVIII 억제제에 대한 ELISA 및 크로마토그래피 및 면역흡착을 이용한 정제를 포함하는 상이한 방법에 의해 항-FVIII 항체를 결정할 수 있다(Algiman et al., 1992). 따라서, 본 발명의 방법은 FVIII에 대한 억제 항체와 관련되거나 이의 존재를 특징으로 하는 임의의 병증의 치료 또는 예방에 이용된다. 일 실시형태에서, 본 발명은 FVIII에 대한 이미 존재하는 억제제를 갖는 환자를 치료하는 방법을 제공하고, 상기 방법은 지혈을 성취하기 위해 투여되어야 하는 응고 유효량의 CFXTEN 융합 단백질을 환자에게 투여하는 단계를 포함하고, 투여된 응고 유효량의 융합 단백질은 지혈을 성취하기 위해 투여되어야 하는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII(또는 네이티브 FVIII)의 양과 비교하여 감소한다. 상기 방법에서, CFXTEN의 감소한 양은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII과 비교하여 IU/kg 단위로 약 2배 또는 3배 또는 4배 또는 5배 적다. 상기 방법의 다른 실시형태에서, 지혈을 성취하기 위한 용량으로 투여되는 CFXTEN의 양은 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII 또는 지혈을 성취하기 위해 필요한 네이티브 FVIII과 비교하여 적어도 20 내지 40IU/kg 미만 또는 30 내지 60IU/kg 미만 또는 40 내지 80IU/kg 미만 또는 60 내지 100IU/kg 미만 또는 100 내지 140IU/kg 미만 또는 120 내지 180IU/kg 미만 또는 140 내지 200IU/kg 미만이다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII에 대해 적어도 10 또는 20 또는 30 또는 40 또는 50 또는 75 또는 100 또는 150 또는 200 이상의 베데스다 단위의 역가를 갖는 A형 혈우병 피험체에서 출혈 에피소드를 치료하는 방법을 제공하고, 출혈 에피소드를 정지시키는 데 필요한 CFXTEN 융합 단백질의 용량은 필적하는 피험체에서 지혈을 성취하기 위해 투여되어야 하는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII(또는 네이티브 FVIII)의 양과 비교하여 적어도 2배 또는 3배 또는 4배 또는 5배 또는 6배 또는 7배 또는 8배 또는 9배 또는 10배 미만이다. 당해 분야의 당업자는 지혈을 유지시키기 위해 투여되는 응고촉진의 양은 FVIII 결핍증의 중증도 및/또는 출혈의 빈도 또는 기간에 따라 달라진다는 것을 이해할 것이다.

[0401] 본 발명의 특정한 목적은 약물로서의 VIII 인자의 A2 및/또는 C2 도메인에 결합하는 FVIII 억제제에 의한 결합이 감소한 CFXTEN의 용도에 관한 것이다. 이러한 약물은 유리하게는 혈우병으로 고생하는 환자에서 지혈을 유지시키기 위해 사용되고, 이러한 환자는 VIII 인자의 A2 도메인 및/또는 C2 도메인에 지시된 순환하는 FVIII 억제제를 갖는다. 일 실시형태에서, 본 발명은 A2 도메인 결합 억제제를 갖는 환자에게 응고 유효량의 CFXTEN 융합 단백질을 투여하는 단계를 포함하는 치료 방법을 제공하고, CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII 또는 네이티브 FVIII과 비교하여 FVIII의 A2 도메인에 결합하는 억제제에 대한 적어도 10% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 또는 80% 이하의 결합을 나타내고, 투여는 지혈을 발생시킨다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 C2 도메인 결합 억제제를 갖는 환자에게 응고 유효량의 CFXTEN 융합 단백질을 투여하는 단계를 포함하는 치료 방법을 제공하고, CFXTEN은 XTEN에 연결되지 않은 FVIII 또는 네이티브 FVIII과 비교하여 FVIII의 C2 도메인에 결합하는 억제제에 대한 적어도 10% 또는 20% 또는 30% 또는 40% 또는 50% 또는 60% 또는 70% 또는 80% 이하의 감소를 나타내고, 투여는 지혈을 발생시킨다. 당해 CFXTEN의 결합 감소는 FVIII 억제제를 측정하는 ELISA에 의해 직접적으로 평가되거나, 본 명세서에 기재된 VIII 인자 발색 시험 또는 1단계 검정 또는 당해 분야에 공지된 다른 적합한 응고 방법에 의해 측정할 때 억제제의 존재 하에 네이티브 FVIII과 비교하여 CFXTEN의 FVIII 활성의 억제 감소의 입증에 의해 측정된다. 대안적으로, 당해 CFXTEN은 변형 베데스다 검정을 이용하여 공지된 억제제의 존재 하에 억제 감소(또는 억제의 부재)에 대해 측정될 수 있다. 본 발명의 특정한 양태에 따

르면, 상기 방법에서 유용한 CFXTEN은 표 10으로부터의 하나 이상의 항체, 및 혈우병 환자에서 발견되는 천연 발생 항체에 대한 반응성이 감소한다. 시험 목적을 위해, 이 억제 항체 및 다른 억제 항체는 인간(즉 억제 항체를 갖는 환자의 혈청)으로부터 얻어지거나, FVIII 또는 이의 단편, 더 특히 다중클론 또는 단일후보 형태이든, A2 또는 C2 도메인의 전부 또는 일부를 포함하는 단편으로 면역화함으로써 마우스, 기니아 피그, 말, 염소, 비인간 영장류 및 다른 포유동물로부터 얻어질 수 있다.

[0402] 본 발명은 본 명세서에 제공된 방법에 따라 사용되는 CFXTEN이 VIII 인자 관련 병증 또는 응고 인자가 보조 치료인 병증; 예를 들면, 상해 또는 수술로 인한 출혈 에피소드를 치료하는 데 유용한 다른 치료 방법 및 조성물(예를 들면, 다른 응고 단백질)과 함께 투여될 수 있다는 것을 추가로 고려한다.

[0403] 다른 양태에서, 본 발명은 표 1로부터 선택된 VIII 인자 서열을 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 하나 이상의 삽입 부위에서 삽입된 표 4로부터 선택된 하나 이상의 XTEN과 조합하여 네이티브 FVIII의 활성의 적어도 일부를 보유하는 약물을 생성시키는 단계를 포함하는 VIII 인자 관련 병증을 위한 약물을 제조하는 방법을 제공한다. 본 발명은 상기 실시형태의 약물을 적어도 하나의 약제학적으로 허용되는 담체와 조합하는 단계를 포함하는 약제학적 조성물을 제조하는 방법을 제공한다. VIII 인자 관련 병증에 대한 약물을 제조하는 방법의 일 실시형태에서, VIII 인자는 표 1로부터 선택된 서열과 비교하여 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 서열을 갖고, 하나 이상의 XTEN은 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 서열 또는 이의 단편과 비교하여 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 서열을 갖고, 하나 이상의 XTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 하나 이상의 위치에서 삽입된다. 상기의 특정한 실시형태에서, 적어도 하나의 XTEN 삽입 부위는 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 390번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번(성숙 네이티브 인간 FVIII에 대해 넘버링됨) 아미노산으로부터 선택된다. 상기 방법의 다른 실시형태에서, CFXTEN은 표 21 중 임의의 하나로부터 선택된 서열과 비교하여 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 99%의 서열 동일성을 갖는 서열을 포함한다.

[0404] 다른 양태에서, 본 발명은 원하는 약동학적, 약리학적 또는 약제학적 특성을 성취하기 위해 CFXTEN 조성물을 제조하는 방법을 제공한다. 일반적으로, 도 11-13에 예시된 본 발명의 융합 단백질 조성물의 설계 및 제조에서의 단계는 (1) 특정한 병증을 치료하기 위한 FVIII(예를 들면, 네이티브 단백질, 표 1의 서열, 활성을 갖는 유사체 또는 유도체)의 선택; (2) 생성된 CFXTEN에 대한 원하는 약동학적 및 물리화학적 특성을 부여하는 하나 이상의 XTEN(예를 들면, 표 4에 기재된 서열과 적어도 80%의 동일성을 갖는 서열)의 선택(예를 들면, 피험체에 대한 CFXTEN 조성물의 투여는 융합 단백질이 XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 더 긴 기간 동안 0.05 초과-0.4IU/㎖로 유지되게 함); (3) 원하는 효능 또는 PK 매개변수를 성취하기 위한 CFXTEN의 원하는 N 내지 C 말단 구성의 확립(예를 들면, 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터의 하나 이상의 삽입 부위의 선택); (4) 구성된 CFXTEN을 코딩하는 발현 벡터의 설계의 확립; (5) 발현 벡터에 의한 적합한 숙주의 형질전환; 및 (6) 생성된 단리된 CFXTEN 융합 단백질의 발현 및 회수를 포함한다. CFXTEN을 제조하는 방법의 일 실시형태에서, 융합 단백질 작제물에 대해 XTEN 반경 비율을 최대화하기 위해 방정식 IV를 적용하여 삽입에 대한 XTEN을 평가하고, 2.0 또는 2.1 또는 2.2 또는 2.3 또는 2.4 또는 2.5 또는 2.6 또는 2.7 또는 2.8 또는 2.9. 또는 3.0 초과의 값을 발생시키는 XTEN이 바람직하다. 최소 응고 유효 농도를 초과하여 걸린 기간 증가 또는 반감기 증가가 바람직한 CFXTEN의 경우, 편입에 선택된 XTEN은 일반적으로 적어도 약 144개 또는 약 288개 또는 약 432개 또는 약 576개 또는 약 864개 또는 약 875개 또는 약 912개 또는 약 923개의 아미노산 잔기를 갖고, 단일 XTEN은 CFXTEN으로 편입된다. 다른 실시형태에서, CFXTEN은 상기 길이의 제1 XTEN 및 약 36개 또는 약 42개 또는 약 72개 또는 약 144개 또는 약 288개 또는 약 576개 또는 약 864개 또는 약 875개 또는 약 912개 또는 약 923개 또는 약 1000개 이상의 아미노산 잔기의 적어도 제2 XTEN을 포함한다. 융합 단백질 내의 XTEN의 위치는 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 이상의 위치를 포함할 수 있다. 일 실시형태에서, 설계 방법은 32번, 220번, 224번, 336번, 339번, 390번, 399번, 416번, 603번, 1656번, 1711번, 1725번, 1905번 및 1910번(성숙 네이티브 인간 FVIII에 대해 넘버링됨) 아미노산으로부터 선택된 적어도 하나의 자리의 FVIII로의 XTEN의 삽입을 포함한다.

[0405] 다른 양태에서, 본 발명은 네이티브 FVIII과 비교하여 제조 용이성을 개선하고, 안정성 증가, 수용해도 증가 및/또는 제제화 용이성을 발생시키는 CFXTEN 조성물을 제조하는 방법을 제공한다. 일 실시형태에서, 본 발명은 표 1로부터의 서열과 적어도 약 80% 또는 약 90% 또는 약 95%의 동일성을 갖는 FVIII을 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 1개, 2개, 3개, 4개, 5개 이상의 위치에서 하나 이상의 XTEN에 연결하

는 단계를 포함하는 FVIII의 수용해도를 증가시키는 방법을 포함하고, XTEN은 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 서열과 비교하여 적어도 약 80% 또는 약 90% 또는 약 95%의 서열 동일성을 갖는 서열이어서, 생리학적 조건 하에 비융합 상태의 FVIII과 비교하여 생성된 CFXTEN의 가용성 형태의 더 높은 농도가 성취될 수 있다. 특정한 실시형태에서, CFXTEN은 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9 또는 도 8 내지 도 9로부터 선택된 자리에서 삽입된 적어도 약 24개 또는 약 36개 또는 약 48개 또는 약 60개 또는 약 72개 또는 약 84개 또는 약 96개 또는 약 144개 또는 약 288개의 아미노산 잔기를 갖는 2개, 3개, 4개 또는 5개의 XTEN에 연결된 FVIII을 포함하고, 생리학적 조건 하에 융합 단백질의 용해도는 XTEN에 연결되지 않은 상응하는 FVIII보다 적어도 3배 초과이거나, 대안적으로, XTEN에 연결되지 않은 FVIII보다 적어도 4배 또는 5배 또는 6배 또는 7배 또는 8배 또는 9배 또는 적어도 10배 또는 적어도 20배 또는 적어도 30배 또는 적어도 50배 또는 적어도 60배 이상이다. 융합 단백질에 편입될 때 CF의 수용해도 증가를 부여하는 XTEN의 특성에 기여하는 인자는 XTEN 융합 파트너의 높은 용해도 및 용액 중의 XTEN의 분자 사이의 낮은 정도의 자기 응집, 및 XTEN이 삽입된 FVIII 외부 루프의 친수화도를 확장시키는 것을 포함한다. 몇몇 실시형태에서, 상기 방법은 비융합 FVIII과 비교하여 생리학적 조건 하에 수용해도가 적어도 약 20% 또는 적어도 약 30% 초과 또는 적어도 약 50% 초과 또는 적어도 약 75% 초과 또는 적어도 약 90% 초과 또는 적어도 약 100% 초과 또는 적어도 약 150% 초과 또는 적어도 약 200% 초과 또는 적어도 약 400% 초과 또는 적어도 약 600% 초과 또는 적어도 약 800% 초과 또는 적어도 약 1000% 초과 또는 적어도 약 2000% 초과인 CFXTEN 융합 단백질을 생성시킨다. 일 실시형태에서, CFXTEN 융합 단백질의 XTEN은 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터의 서열과 비교하여 적어도 약 80% 또는 약 90% 또는 약 95%의 서열 동일성을 갖는 서열이다. 다른 실시형태에서, 본 발명은 FVIII을 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 하나 이상의 자리에서 하나 이상의 XTEN에 연결하는 단계를 포함하는 FVIII의 유통 기한을 증가시키는 방법을 포함하고, 생성된 CFXTEN의 유통 기한은 비융합 상태의 FVIII과 비교하여 연장된다. 본 명세서에 사용되는 유통 기한은 용액 중에 있거나, 동결건조되거나 몇몇 다른 저장 제제에 있는 FVIII 또는 CFXTEN의 응고촉진 활성이 부당한 활성 손실 없이 안정하게 있거나 약제학적 조성물에 대해 확립된 방출 사양 내에 있는 기간을 의미한다. 분해되거나 응집된 FVIII은 일반적으로 용액 중에 있는 것과 비교하여 기능적 활성이 감소하거나 생체이용률 가능성이 감소한다. 융합 단백질로 편입될 때 FVIII의 유통기한을 연장하는 방법의 능력에 기여하는 인자는 수용해도 증가, 용액 중의 자기 응집 감소 및 XTEN 융합 파트너의 열 안정성 증가를 포함한다. 특히, 응집에 대한 XTEN의 낮은 경향은 CF의 더 높은 약물 농도를 포함하는 약제학적 제제를 제제화하는 방법을 수월하게 하고, XTEN의 열 안정성은 연장된 기간 동안 가용성이고 기능적으로 활성으로 있게 하는 CFXTEN 융합 단백질의 특성에 기여한다. 상기 방법은 동일한 저장 및 취급 조건에 놓인 FVIII 표준품과 비교하여 더 높은 활성을 나타내는 유통 기한이 길어지거나 연장된 CFXTEN 융합 단백질을 생성시킨다. 표준품은 비융합 전장 FVIII 또는 상업적으로 구입 가능한 FVIII 약제학적 조성물일 수 있다. 일 실시형태에서, 상기 방법은 단리된 CFXTEN을 비구조화 입체구성을 보유하는 XTEN의 능력을 증대시키고 CFXTEN이 상응하는 비융합 FVIII보다 긴 기간 동안 제제 중에 가용성으로 있게 하는 하나 이상의 약제학적으로 허용되는 부형제와 제제화하는 단계를 포함한다. 일 실시형태에서, 상기 방법은 표 1로부터 선택된 FVIII을 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9로부터 선택된 하나 이상의 자리에서 삽입된 표 3, 표 4 및 표 13 내지 표 17 중 임의의 하나로부터 선택된 하나 이상의 XTEN에 연결하는 단계 및 적어도 하나의 약제학적으로 허용되는 부형제와 혼합하여 응고촉진 활성의 약 100% 초과 또는 적어도 90일 또는 적어도 6개월 또는 적어도 12개월의 시점에서와 비교할 때 동일한 저장 및 취급 조건으로 놓이는 FVIII 표준품의 응고촉진 활성의 약 105%, 110%, 120%, 130%, 150% 또는 200% 초과를 보유하는 약제학적 조성물을 생성하는 단계를 포함한다. 유통 기한은 또한 저장이 시작될 때 기능적 활성으로 정규화된 저장 후 남은 기능적 활성의 면에서 평가될 수 있다. 몇몇 실시형태에서, 본 발명의 CFXTEN 약제학적 조성물은 응고촉진 활성의 약 50% 초과 또는 다양한 온도 조건 하에 2주 이하 또는 4주 또는 6주 이상의 동일한 기간 동안 동일한 조건에 놓일 때 FVIII 표준품의 응고촉진 활성의 약 60%, 70%, 80% 또는 90% 초과를 보유한다. 일 실시형태에서, CFXTEN 약제학적 조성물은 10분 동안 80℃에서 가열될 때 용액 중의 이의 원래 활성의 적어도 약 50% 또는 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80%, 가장 바람직하게는 적어도 약 90% 이상을 보유한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 약제학적 조성물은 가열되거나 약 7일 동안 37℃에서 유지될 때 용액 중의 이의 원래 활성의 적어도 약 50%, 바람직하게는 적어도 약 60% 또는 적어도 약 70% 또는 적어도 약 80% 또는 대안적으로 적어도 약 90% 이상을 보유한다. 다른 실시형태에서, CFXTEN 약제학적 조성물은 약 1시간 내지 약 18시간의 기간 동안 약 30℃ 내지 약 70℃의 온도로 노출 후 이의 기능적 활성의 적어도 약 80% 이상을 보유한다. 이 문단에서 상기 기재된 상기 실시형태에서, CFXTEN 약제학적 조성물의 활성 보유는 XTEN에 연결되지 않은 FVIII을 포함하는 상응하는 약제학적 조성물보다 소정의 시점에서 적어도 약 2배 또는 적어도 약 3배 또는 적어도 약 4배 또는 적어도 약 5배 또는 적어도 약 6배 크다.

[0406] **VII). 본 발명의 핵산 서열**

[0407] 본 발명은 CFXTEN 키메라 융합 단백질을 코딩하는 단리된 다중핵산 및 CFXTEN 키메라 융합 단백질을 코딩하는 다중핵산 분자에 상보성인 서열(이의 동종성 변이체 포함)을 제공한다. 다른 양태에서, 본 발명은 CFXTEN 키메라 융합 단백질을 코딩하는 다중핵산 및 CFXTEN 키메라 융합 단백질을 코딩하는 다중핵산 분자에 상보성인 서열(이의 동종성 변이체 포함)을 제조하는 방법을 포함한다. 일반적으로 도 11-13에 예시된 것처럼, CFXTEN 융합 단백질을 코딩하고 생성된 유전자 생성물을 발현하는 폴리뉴클레오타이드 서열의 제조 방법은 FVIII 및 XTEN을 코딩하는 뉴클레오타이드를 조립하는 단계, 프레임에서 성분을 결찰하는 단계, 코딩 유전자를 숙주 세포에 적절한 발현 벡터로 편입하는 단계, 적절한 숙주 세포를 발현 벡터로 형질전환하는 단계 및 융합 단백질이 형질전환된 숙주 세포에서 발현되게 하거나 발현되도록 허용하는 조건 하에 숙주 세포를 배양하여, 당해 분야에 공지된 표준 단백질 정제 방법에 의해 단리된 융합 단백질로서 회수되는 생물학적 활성 CFXTEN 폴리펩타이드를 제조하는 단계를 포함한다. 본 발명의 폴리뉴클레오타이드 및 발현 벡터를 제조하기 위해 분자 생물학에서의 표준 재조합 기법이 이용된다.

[0408] 본 발명에 따라, 적절한 숙주 세포에서 CFXTEN 융합 단백질의 발현을 지시하는 재조합 DNA 분자를 생성하기 위해 CFXTEN(또는 이의 보체)를 코딩하는 핵산 서열을 사용한다. 본 발명의 목적을 위해, 네이티브 인간 FVIII에 상응하는 신호 펩타이드를 코딩(MQIELSTCFFLCLLRFCFS(서열 번호 1611)를 코딩)하는 핵산을 CFXTEN 융합 단백질의 발현 및 분비를 돕기 위해 본 명세서에 기재된 임의의 코딩 작제물에 첨가할 수 있다. 일 실시형태에서, 핵산 첨가는 ATGCAAATAGAGCTCTCCACCTGCTTCTTTCTGTGCCTTTTGCGATTCTGCTTTAGT(서열 번호 1613) 또는 이의 보체이다.

[0409] 몇몇 클로닝 전략은 본 발명을 수행하는 데 적합하고, 이들 중 대부분은 본 발명의 CFXTEN 조성물 또는 이의 보체의 융합 단백질을 코딩하는 유전자를 포함하는 작제물을 생성하기 위해 이용된다. 몇몇 실시형태에서, 클로닝 전략은 적어도 제1 FVIII 및 적어도 제1 XTEN 폴리펩타이드 또는 이의 보체를 포함하는 단량체 CFXTEN을 코딩하는 유전자를 생성하기 위해 이용된다. 상기의 일 실시형태에서, 유전자는 FVIII을 코딩하는 서열 또는 서열 변이체를 포함한다. 다른 실시형태에서, 클로닝 전략은 CFXTEN 조성물의 융합 단백질의 발현을 위해 숙주 세포를 형질전환하기 위해 사용되는 FVIII의 적어도 제1 분자 또는 이의 보체 및 제1 및 적어도 제2 XTEN 또는 이의 보체를 코딩하는 뉴클레오타이드를 포함하는 단량체 CFXTEN을 코딩하는 유전자를 생성하기 위해 이용된다. 이 문단에서 상기 기재된 상기 실시형태에서, 유전자는 개열 서열(들)을 또한 코딩하는 스페이서 서열을 코딩하는 뉴클레오타이드를 추가로 포함할 수 있다.

[0410] 원하는 XTEN 서열을 설계하는 데 있어서, XTEN 코딩 서열의 생성에서 "빌딩 블록" 분자 접근법의 이용에도 불구하고 본 발명의 조성물의 XTEN의 비반복 성질이 성취된다는 것이 발견되었다. 이는 상기 기재된 펩타이드 서열 모티프를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드의 라이브러리의 사용에 의해 성취되고, 이 모티프는 이후 결찰되고/되거나 다합체화되어 XTEN을 코딩하는 유전자 서열을 생성한다(도 11 및 도 12 및 실시예 참조). 따라서, 발현된 융합 단백질의 XTEN(들)이 4개의 적은 상이한 서열 모티프의 다수의 단위로 이루어질 수 있지만, 모티프 그 자체는 비반복 아미노산 서열로 이루어지므로, 전체 XTEN 서열은 비반복이 된다. 따라서, 일 실시형태에서, XTEN 코딩 폴리뉴클레오타이드는 프레임에서 작동적으로 연결된 비반복 서열 또는 모티프를 코딩하는 다수의 폴리뉴클레오타이드를 포함하고, 생성된 발현된 XTEN 아미노산 서열은 비반복이다.

[0411] 일 접근법에서, CFXTEN 융합 단백질에 상응하는 DNA 서열을 포함하는 작제물을 처음에 제조한다. 조성물의 FVIII을 코딩하는 DNA는 FVIII mRNA를 보유하고 이를 검출 가능한 수준으로 발현시킨다고 생각되는 조직 또는 단리된 세포로부터 표준 방법을 이용하여 제조된 cDNA 라이브러리로부터 또는 상업용 소스로부터 합성으로 얻어진다. 필요한 경우, 코딩 서열은 상기 샘브룩 등의 문헌에 기재된 종래의 프라이머 연장 절차를 이용하여 얻어져서, cDNA로 역전사되지 않을 수 있는 mRNA의 전구체 및 프로세싱 중간체를 검출할 수 있다. 이후, 표적 DNA 또는 RNA 코딩 서열을 증폭하기 위한 중합효소 사슬 반응(PCR) 방법론을 이용하여 FVIII 유전자를 포함하는 CFXTEN 작제물의 제조에 충분한 재료를 얻을 수 있다. 이후, 검정을 수행하여 하이브리드화 전장 유전자가 원하는 FVIII 유전자(들)라는 것을 확인할 수 있다. 이 종래의 방법에 의해, 이러한 소스로부터 제조된 cDNA 라이브러리로부터 DNA를 편리하게 얻을 수 있다. FVIII 코딩 유전자(들)는 또한 공중에게 이용 가능한 데이터베이스, 특허 또는 참조 문헌으로부터 얻은 DNA 서열을 사용하여 당해 분야에 공지된 표준 합성 절차(예를 들면, 문헌 [Engels et al. (Agnew. Chem. Int. Ed. Engl., 28:716-734 1989)]에 기재된 방법 중 하나를 이용한, 예를 들면 자동화 핵산 합성)에 의해 생성될 수 있다. 이러한 절차는 당해 분야에 공지되어 있고, 과학 및 특허 문헌에 잘 기재되어 있다. 예를 들면, 관심 있는 단백질의 아미노산 서열 또는 이 단백질의 단편 또는 변이체를 포함하는 CAS 등록번호 또는 진뱅크 데이터베이스에서의 목록에 해당하는 ncbi.nlm.nih.gov에서의 월드 와이드 웹에서 이용 가능한, 국립 바이오기술 정보 센터(NCBI) 웹페이지를 통해 이용 가능한 진뱅크 수탁 번호(예를 들면, 유

전자위 번호, NP_XXXXX 및 XP_XXXXX) 모델 단백질 식별자 및/또는 화학 초록 서비스(CAS) 등록 번호(미국 화학 협회에 의해 공개)로부터 서열을 얻을 수 있다. 일 실시형태에서, FVIII 코딩 유전자는 표 1로부터의 단백질 서열 또는 이의 단편 또는 변이체를 코딩한다.

[0412] 당해 CFXTEN 단백질의 FVIII 부분을 코딩하는 유전자 또는 폴리뉴클레오타이드는, 단일 FVIII을 포함하는 발현된 융합 단백질의 경우에, 이후 생물학적 시스템에서 높은 수준 단백질 발현을 위한 적절한 전사 및 번역 서열의 제어 하에 플라즈미드 또는 다른 벡터인 작제물로 클로닝된다. 나중 단계에서, XTEN을 코딩하는 제2 유전자 또는 폴리뉴클레오타이드는, FVIII을 코딩하는 유전자(들)와 프레임에서 및 이와 인접한 작제물로 이를 클로닝함으로써, FVIII 유전자의 N 및/또는 C 말단을 코딩하는 뉴클레오타이드에 유전적으로 융합된다. 이 제2 단계는 결찰 또는 다합체화 단계를 통해 발생한다. 이 문단에서 상기 기재된 상기 실시형태에서, 생성된 유전자 작제물은 대안적으로 각각의 융합 단백질을 코딩하는 각각의 유전자의 보체일 수 있는 것으로 이해된다.

[0413] 실시예에 더 완전히 기재된 방법을 포함하여 효소 공정, 예컨대 제한 효소 중재 클로닝, PCR 및 오버랩(overlap) 연장과 조합된 합성에 의해 또는 완전히 합성하여 하나 이상의 단계에서 XTEN을 코딩하는 유전자를 만들 수 있다. 예를 들면, 원하는 길이 및 서열의 더 긴 XTEN 유전자로 XTEN을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드의 짧은 서열을 결찰하기 위해 본 명세서에 개시된 방법을 이용할 수 있다. 일 실시형태에서, 상기 방법은 약 9개 내지 14개의 아미노산 또는 약 12개 내지 20개의 아미노산 또는 약 18개 내지 42개의 아미노산 또는 약 42개 내지 약 144개의 아미노산 또는 약 144개 내지 약 288개의 아미노산 또는 288개 내지 약 864개의 아미노산 또는 더 긴 아미노산 또는 모티프 또는 분절 길이의 상기 범위의 임의의 조합의 XTEN 모티프 또는 분절 서열을 코딩하는 2개 이상의 코돈 최적화 올리고뉴클레오타이드를 결찰한다.

[0414] 대안적으로, XTEN 코딩 서열을 원하는 길이의 더 긴 서열로 다합체화하기 위해 개시된 방법을 이용하고; 예를 들면, XTEN의 36개의 아미노산을 코딩하는 유전자는 72개, 이후 144개, 이후 288개 등의 아미노산을 코딩하는 유전자로 이합체화될 수 있다. 다합체화에 의해서도, XTEN 코딩 유전자가 사용되는 가장 짧은 단위의 모티프에 선택된 코돈의 설계를 통해 낮은 반복성을 갖거나 실질적으로 반복성을 갖지 않도록 XTEN 폴리펩타이드는 작제될 수 있고, 이는 형질전환된 숙주에서 유전자를 코딩하는 안정성을 증가시키고 재조합을 감소시킬 수 있다.

[0415] 비반복 서열을 갖는 XTEN을 코딩하는 유전자는 유전자 합성의 표준 기법을 이용하여 올리고뉴클레오타이드로부터 어셈블링된다. 코돈 사용 및 아미노산 조성물을 최적화하는 알고리즘을 이용하여 유전자 설계를 수행할 수 있다. 본 발명의 일 방법에서, 비교적 짧은 XTEN 코딩 폴리뉴클레오타이드 작제물의 라이브러리가 상기 기재된 바대로 생성되고 이후 어셈블링된다. 이후, 생성된 유전자는 도 11 및 도 12에 예시된 바대로 FVIII 또는 FVIII의 구역을 코딩하는 유전자 및 숙주 세포를 형질전환하고 본 명세서에 기재된 바대로 특성의 평가를 위해 CFXTEN을 제조하고 회수하기 위해 사용되는 생성된 유전자와 어셈블링된다.

[0416] 다른 양태에서, 본 발명은 본 명세서에 기재된 CFXTEN 융합 단백질 실시형태를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 포함하는 단리된 핵산을 제공한다. 일 실시형태에서, 단리된 핵산은 (a) 최적으로 정렬될 때, 표 21로부터 선택된 필적하는 길이의 서열과 비교하여 적어도 약 80%의 서열 동일성, 또는 약 90% 또는 약 91% 또는 약 92% 또는 약 93% 또는 약 94% 또는 약 95% 또는 약 96% 또는 약 97% 또는 약 98% 또는 약 99% 내지 약 100%의 서열 동일성을 갖는 서열로부터 선택된 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 (b) (a)의 폴리뉴클레오타이드의 보체를 포함한다. 다른 실시형태에서, 단리된 핵산은 (a)의 핵산의 5' 말단에 연결된 서열 ATGCAAATAGAGCTCTCCACCTGCTTCTTTCTGTGCCTTTTGCGATTCTGCTTTAGT(서열 번호 1613) 또는 (b)의 3' 말단에 연결된 서열의 보체를 포함한다.

[0417] 폴리뉴클레오타이드 라이브러리

[0418] 다른 양태에서, 본 발명은 원하는 길이 및 서열의 XTEN을 코딩하는 유전자를 어셈블링하는 데 사용되는 XTEN 서열을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드의 라이브러리를 제공한다.

[0419] 특정한 실시형태에서, XTEN 코딩 라이브러리 작제물은 고정된 길이의 폴리펩타이드 분절를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 포함한다. 초기 단계로서, 9-14개의 아미노산 잔기의 모티프를 코딩하는 올리고뉴클레오타이드의 라이브러리가 어셈블링될 수 있다. 바람직한 실시형태에서, 12개의 아미노산의 모티프를 코딩하는 올리고뉴클레오타이드의 라이브러리가 어셈블링된다.

[0420] XTEN 코딩 서열 분절은 도 13에 도식적으로 도시된 더 긴 코딩 서열로 이합체화 또는 다합체화될 수 있다. 결찰, 오버랩 연장, PCR 어셈블리 또는 당해 분야에 공지된 유사한 클로닝 기법에 의해 이합체화 또는 다합체화를 수행할 수 있다. 생성된 XTEN 코딩 서열이 서열 및 원하는 길이의 조직화에 도달하여, XTEN 코딩 유전자를

제공할 때까지 이 과정을 수회 반복할 수 있다. 예를 들면, 12개 아미노산 모티프를 코딩하는 폴리뉴클레오타이드의 라이브러리가 36개의 아미노산을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드의 라이브러리로 이합체되고/되거나 결찰될 수 있는 것으로 이해된다. 상이한 길이의 모티프를 코딩하는 라이브러리; 예를 들면, 27개 내지 42개의 아미노산을 코딩하는 라이브러리를 생성시키는 9-14개 아미노산 모티프가 본 발명에 고려된다. 결국, (실시예에 기재된) 27개 내지 42개의 아미노산, 바람직하게는 36개의 아미노산을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드의 라이브러리는 본 명세서에 개시된 CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 유전자로의 편입을 위해 원하는 길이의 XTEN 서열을 코딩하는 연속하여 더 긴 길이의 폴리뉴클레오타이드를 포함하는 라이브러리로 순차적으로 이합체화될 수 있다.

[0421] XTEN을 코딩하는 DNA 서열을 최적화하기 위한 더 효과적인 방식은 조합 라이브러리에 기초한다. 다수의 코돈 버전이 각각의 분절에 얻어지도록 XTEN을 코딩하는 유전자가 분절에서 설계되고 합성될 수 있다. 이 분절은 유전자의 라이브러리로 무작위로 어셈블링될 수 있어서 각각의 라이브러리 구성원은 동일한 아미노산 서열을 코딩하지만 라이브러리 구성원은 많은 수의 코돈 버전을 포함한다. 이러한 라이브러리는 절두 생성물의 높은 수준 발현 및/또는 낮은 풍부도를 생성시키는 유전자에 스크리닝될 수 있다. 조합 유전자 어셈블리의 과정은 도 18에 예시되어 있다. 도 18에서의 유전자는 6개의 기저 단편으로부터 어셈블링되고 각각의 단편은 4개의 상이한 코돈 버전으로 이용 가능하다. 이는 4096의 이론적 다양성을 허용한다.

[0422] 몇몇 실시형태에서, 라이브러리는 표 4의 AD, AE, AF, AG, AM 또는 AQ 서열과 같은 특이적 서열 XTEN 패밀리로 제한되는 아미노산을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드로 어셈블링된다. 다른 실시형태에서, 라이브러리는 표 3으로부터 2개 이상의 모티프 패밀리 서열을 코딩하는 서열을 포함한다. 36합체를 코딩하는 라이브러리의 대표적인 비제한적인 폴리뉴클레오타이드 서열의 명칭 및 서열이 표 13 내지 표 17에 제시되어 있고, 이를 생성하기 위해 이용되는 방법은 각각의 실시예에 더 완전히 기재되어 있다. 다른 실시형태에서, XTEN을 코딩하는 라이브러리는 아미노산을 코딩하는 무작위화된 서열에서 연결된 폴리뉴클레오타이드 코돈의 분절로부터 작제되고, 적어도 약 80% 또는 적어도 약 90% 또는 적어도 약 91% 또는 적어도 약 92% 또는 적어도 약 93% 또는 적어도 약 94% 또는 적어도 약 95% 또는 적어도 약 97% 또는 적어도 약 98% 또는 적어도 약 99%의 코돈은 글라이신(G), 알라닌(A), 세린(S), 트레오닌(T), 글루타메이트(E) 및 프롤린(P) 아미노산에 대한 코돈으로 이루어진 군으로부터 선택된다. 코딩된 XTEN이 CFXTEN 융합 단백질의 성분으로서 발현될 때 본 명세서에 개시된 하나 이상의 특성을 가질 수 있는, 예를 들면 42개, 48개, 72개, 144개, 288개, 576개, 864개, 875개, 912개, 923개, 1318개의 아미노산 또는 약 3000개 이하의 전체 길이의 아미노산, 및 중간 길이의 XTEN 서열을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 서열 라이브러리를 성취하기 위해 라이브러리는 순차적 이합체화 또는 결찰에 결국 사용될 수 있다. 몇몇 경우에, 폴리뉴클레오타이드 라이브러리 서열은 또한 하기 더 자세히 기재된 것처럼 "서열분석 섬(sequencing island)"으로 사용되는 추가의 염기를 포함할 수 있다.

[0423] 도 14는 본 발명의 실시형태에서 XTEN 폴리뉴클레오타이드 작제물 및 CFXTEN 폴리뉴클레오타이드 작제물의 어셈블리에서의 대표적인 비제한적인 단계의 도식 흐름도이다. 개별적인 올리고뉴클레오타이드(**501**)는 서열 모티프(**502**), 예컨대 12-아미노산 모티프("12-합체")로 어닐링되고, 이 모티프는 라이브러리로부터의 추가의 서열 모티프에 결찰되어 원하는 길이의 XTEN(**504**)을 포함하는 풀을 생성하고, BbsI 및 KpnI 제한 자리(**503**)를 포함하는 더 작은 농도의 올리고에 결찰된다. 결찰 생성물의 생성된 풀은 겔 정제되고, 원하는 길이의 XTEN을 갖는 밴드가 절단되어, 중지 서열(**505**)을 갖는 단리된 XTEN 유전자를 생성시킨다. XTEN 유전자는 스투퍼 벡터로 클로닝된다. 이 경우, 벡터는 임의의 CBD 서열(**506**) 및 GFP 유전자(**508**)를 코딩한다. 이후, 분해를 BbsI/HindIII로 수행하여 **507** 및 **508**을 제거하고 중지 코돈을 위치시킨다. 이후, 생성된 생성물은 FVIII을 코딩하는 유전자를 포함하는 BsaI/HindIII 분해된 벡터로 클로닝되어, FVIII-XTEN 융합 단백질을 코딩하는 유전자(**500**)를 생성시킨다.

[0424] 당해 분야에 공지된 하나 이상의 발현 벡터로 XTEN 코딩 유전자의 라이브러리를 클로닝할 수 있다. 훌륭히 발현되는 라이브러리 구성원의 확인을 수월하게 하도록, 리포터 단백질에 대한 융합으로서 라이브러리를 작제할 수 있다. 적합한 리포터 유전자의 비제한적인 예는 녹색 형광 단백질, 루시퍼라제, 알칼리 포스파타제 및 베타-갈락토시다제이다. 스크리닝함으로써, 선택된 숙주 유기체에서 높은 농도로 발현될 수 있는 짧은 XTEN 서열을 확인할 수 있다. 후속하여, 무작위 XTEN 이합체의 라이브러리를 생성하고 높은 수준의 발현을 위한 스크리닝을 반복할 수 있다. 후속하여, 발현 수준, 프로테아제 안정성 또는 항혈청에 대한 결합과 같은 여러 특성에 대해 생성된 작제물을 스크리닝할 수 있다.

[0425] 본 발명의 일 양태는 융합 단백질의 성분을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드 서열을 제공하는 것이고, 서열의 생성은 코돈 최적화를 겪는다. 폴리펩타이드 조성물의 발현을 개선할 목적으로 제조 숙주에서 코딩 유전자의 유전 안정성을 개선하기 위해 코돈 최적화가 특히 중요하다. 예를 들면, 글라이신이 풍부하거나 매우 반복적인 아미

노산 서열을 갖는 XTEN 서열에 코돈 최적화가 특히 중요하다. 컴퓨터 프로그램(Gustafsson, C., et al. (2004) *Trends Biotechnol*, **22**: 346-53)을 이용하여 코돈 최적화를 수행하고, 이들 중 몇몇은 리보솜 휴지를 최소화하였다(Coda Genomics Inc.). 일 실시형태에서, 라이브러리의 모든 구성원이 동일한 아미노산 서열을 코딩하지만 코돈 사용이 다양한 코돈 라이브러리를 작제함으로써 코돈 최적화를 수행할 수 있다. XTEN 함유 생성물의 대규모 제조에 특히 적합한 고도 발현되고 유전적으로 안정한 구성원에 이러한 라이브러리를 스크리닝할 수 있다. XTEN 서열을 설계할 때, 여러 특성을 고려할 수 있다. 코딩 DNA 서열에서 반복성을 최소화할 수 있다. 또한, 제조 숙주에 거의 사용되지 않는 코돈 사용을 피하거나 최소화할 수 있다(예를 들면, 이. 콜라이에서 AGG 및 AGA 아르기닌 코돈 및 1개의 류신 코돈). 이. 콜라이의 경우, GGA 및 GGG의 2개의 글라이신 코돈이 고도 발현된 단백질에서 거의 사용되지 않는다. 따라서, XTEN을 코딩하는 유전자 서열의 코돈 최적화가 매우 바람직할 수 있다. 높은 수준의 글라이신을 갖는 DNA 서열은 불안정성 또는 낮은 발현 수준을 발생시킬 수 있는 높은 GC 함량을 갖는 경향이 있다. 따라서, 가능할 때, XTEN 코딩 서열의 GC 함량이 XTEN을 제조하기 위해 사용되는 제조 유기체에 적합하도록 코돈을 선택하는 것이 바람직하다.

[0426] 일 실시형태에서, 개시된 방법을 이용하여 폴리뉴클레오타이드 라이브러리가 작제되고, 라이브러리의 모든 구성원은 동일한 아미노산 서열을 코딩하지만, 서열에서의 각각의 아미노산에 대한 코돈 사용은 변하거나 의도되는 숙주 세포에 최적화된다. XTEN 함유 생성물의 대규모 제조에 특히 적합한 고도 발현되고 유전적으로 안정한 구성원에 대해 이러한 라이브러리를 스크리닝할 수 있다. 일 실시형태에서, 진핵 숙주 세포에서 발현을 위해 라이브러리를 최적화한다.

[0427] 임의로, 바람직하지 않은 서열을 포함하는 단리물을 제거하기 위해 라이브러리에서 서열 클로닝할 수 있다. 짧은 XTEN 서열의 초기 라이브러리는 아미노산 서열에서 몇몇 변화를 허용한다. 예를 들어, 다수의 친수성 아미노산이 특정한 위치에서 발생할 수 있도록 몇몇 코돈을 무작위화할 수 있다. 반복 다합체화의 과정 동안, 높은 수준 발현에 대한 스크리닝 이외의 용해도 또는 프로테아제 내성과 같은 다른 특성에 대해 생성된 라이브러리 구성원을 스크리닝할 수 있다.

[0428] 원하는 길이 및 특성의 XTEN을 코딩하는 유전자가 선택되면, FVIII을 코딩하는 유전자와 프레임에서 또는 대안적으로 FVIII의 인접한 도메인을 코딩하는 뉴클레오타이드 사이에 또는 대안적으로 소정의 FVIII 도메인을 코딩하는 서열 내에 또는 대안적으로 말단 XTEN에 연결된 스페이서/개열 서열을 코딩하는 뉴클레오타이드와 프레임에서 및 이와 인접한 작제물로 이를 클로닝함으로써 이는 FVIII 유전자(들)를 코딩하는 뉴클레오타이드로 원하는 위치에서 유전적으로 융합된다. 본 발명은 코딩하고자 하는 CFXTEN에 따라 상기의 다양한 순열을 제공한다. 예를 들면, 상기 도시된, 예컨대 화학식 VI로 구현되는 2개의 XTEN 및 FVIII을 포함하는 CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 유전자는 조성 및 서열 길이가 동일하거나 상이할 수 있는, 2개의 XTEN을 코딩하는, FVIII을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 갖는다. 상기의 비제한적인 일 실시형태에서, FVIII 폴리뉴클레오타이드는 VIII 인자를 코딩하고, C 말단 XTEN을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드는 288개의 아미노산의 XTEN을 코딩하고, A2 도메인의 C 말단에 인접한 내부 XTEN을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드는 144개의 아미노산의 XTEN을 코딩한다. FVIII 유전자를 XTEN 작제물로 클로닝하는 단계는 도 14에 도시된 바대로 결찰 또는 다합체화 단계를 통해 발생할 수 있다. CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 작제물은 성분 XTEN, CF 및 스페이서 서열의 상이한 구성, 예컨대 화학식 I 내지 VIII의 구성에서 설계될 수 있다. 일 실시형태에서, 작제물은 (5'로부터 3'로) FVIII, B 도메인에 내부인 XTEN 및 C 말단 XTEN의 순서로 성분의 단량체 폴리펩타이드에 상보성인 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 이를 코딩하는 것을 포함한다. 다른 실시형태에서, 작제물은 (5'로부터 3'로) FVIIII, C 말단에 연결된 스페이서 서열 및 XTEN의 순서로 성분의 단량체 폴리펩타이드에 상보성인 폴리뉴클레오타이드 서열 또는 이를 코딩하는 것을 포함한다. 스페이서 폴리뉴클레오타이드는 개열 서열을 코딩하는 서열을 임의로 포함할 수 있다. 당해 분야의 당업자에게 공지된 것처럼, FVIII 도메인 및 삽입된 XTEN의 다수의 순열이 가능하다.

[0429] 뉴클레오타이드 또는 아미노산 서열의 상동성, 서열 유사성 또는 서열 동일성은 또한 베스트핏 또는 갭 쌍별 비교 프로그램(GCG Wisconsin Package, Genetics Computer Group, 위스콘신주 53711 매디슨 사이언스 드라이브 575 소재)과 같은 공지된 소프트웨어 또는 컴퓨터 프로그램을 이용하여 종래대로 결정될 수 있다. 베스트핏은 스미스(Smith) 및 워터만(Waterman)의 국지적 상동성 알고리즘(Advances in Applied Mathematics. 1981. 2: 482-489)을 이용하여 2개의 서열 사이의 동일성 또는 유사성의 최고의 분절을 확인한다. 갭은 글로벌 정렬을 수행하고: 1개의 서열 모두는 니들만(Needleman) 및 운츠(Wunsch)의 방법(Journal of Molecular Biology. 1970. 48:443-453)을 이용하여 다른 유사한 서열 모두를 갖는다. 서열 상동성, 유사성 또는 동일성의 정도를 결정하기 위해 베스트핏과 같은 서열 정렬 프로그램을 이용할 때, 동일성, 유사성 또는 상동성 스코어를 최적화하도록 디폴트 설정이 사용할 수 있거나, 적절한 스코어링 매트릭스가 선택될 수 있다.

[0430] "상보성"인 핵산 서열은 표준 왓손-크릭(Watson-Crick) 상보성 규칙에 따라 염기 쌍 지음을 할 수 있는 것이다. 본 명세서에 사용되는 용어 "상보성 서열"은 본 명세서에 기재된 것과 같은 엄격한 조건 하에 CFXTEN 서열을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드에 하이브리드화할 수 있는 것으로 정의되거나 상기 기재된 동일한 뉴클레오타이드 비교에 의해 평가될 수 있는 실질적으로 상보성인 핵산 서열을 의미한다.

[0431] 이후, CFXTEN 키메라 융합 단백질을 코딩하는 생성된 폴리뉴클레오타이드는 개별적으로 발현 벡터로 클로닝될 수 있다. 핵산 서열은 다양한 절차에 의해 벡터로 삽입된다. 일반적으로, DNA는 당해 분야에 공지된 기법을 이용하여 적절한 제한 엔도뉴클레아제 자리(들)에 삽입된다. 벡터 성분은 일반적으로 하나 이상의 신호 서열, 복제 기원, 하나 이상의 마커 유전자, 인핸서 구성요소, 프로모터 및 전사 종결 서열을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 하나 이상의 이들 성분을 포함하는 적합한 벡터의 작제는 당해 분야의 당업자에게 공지된 표준 결찰 기법을 이용한다. 이러한 기법은 당해 분야에 널리 공지되어 있고 과학 및 특허 문헌에 잘 기재되어 있다.

[0432] 다양한 벡터는 공중에게 이용 가능하다. 벡터는, 예를 들면 재조합 DNA 절차로 편리하게 처리될 수 있는 플라즈미드, 코즈미드, 바이러스 입자 또는 파지의 형태일 수 있고, 벡터 선택은 이것이 도입되는 숙주 세포에 따라 대개 달라진다. 따라서, 벡터는 플라즈미드와 같은 자동으로 복제하는 벡터, 즉 염색체외 집합체로서 존재하는 벡터일 수 있고, 이의 복제는 염색체 복제와 독립적이다. 대안적으로, 벡터는 숙주 세포로 도입되고, 숙주 세포 게놈과 통합되고, 이것이 통합된 염색체(들)와 함께 복제되는 것일 수 있다. 대표적인 플라즈미드는 도 17에 예시되어 있고, FVIII 및 XTEN 성분의 상이한 구성에 대한 코딩 구역이 도시되어 있다.

[0433] 본 발명은 숙주 세포와 상용성이고 이에 의해 인식되며 CFXTEN 융합 단백질의 제어 발현을 위한 CFXTEN 유전자에 작동적으로 연결된 복제 및 조절 서열을 포함하는 플라즈미드 벡터의 용도를 제공한다. 벡터는 보통 형질전환된 세포에서 표현형 선택을 제공할 수 있는 단백질을 코딩하는 서열 및 복제 자리를 보유한다. 이러한 벡터 서열은 다양한 박테리아, 효모 및 바이러스에 널리 공지되어 있다. 사용될 수 있는 유용한 발현 벡터는, 예를 들면 염색체 분절, 비염색체 및 합성 DNA 서열을 포함한다. "발현 벡터"는 적합한 숙주에서 융합 단백질을 코딩하는 DNA의 발현을 실행할 수 있는 적합한 조절 서열에 작동적으로 연결된 DNA 서열을 포함하는 DNA 작제물을 의미한다. 필요요건은 벡터가 선택된 숙주 세포에서 복제 가능하고 생존 가능하다는 것이다. 낮은 또는 높은 카피수의 벡터가 필요한 대로 사용될 수 있다.

[0434] 다른 적합한 벡터는, SV40 및 pcDNA의 유도체 및 공지된 박테리아 플라즈미드, 예컨대 col EI, pCR1, pBR322, pMal-C2, pET, pGEX(문헌[Smith, et al., Gene 57:31-40 (1988)]에 기재됨), pMB9 및 이들의 유도체, 플라즈미드, 예컨대 RP4, 파지 DNA, 예컨대 파지 I의 다양한 유도체, 예컨대 NM98 9, 및 다른 파지 DNA, 예컨대 M13 및 섬질(filamentous) 단일 가닥 파지 DNA; 효모 플라즈미드, 예컨대 2마이크론 플라즈미드 또는 2m 플라즈미드의 유도체, 및 집중적(centomeric) 및 통합적(integrative) 효모 셔틀 벡터; 진핵 세포에서 유용한 벡터, 예컨대 곤충 또는 포유동물 세포에서 유용한 벡터; 플라즈미드 및 파지 DNA의 조합으로부터 유래한 벡터, 예컨대 파지 DNA 또는 발현 조절 서열을 사용하도록 변형되는 플라즈미드; 등을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 본 발명에서 또한 사용될 수 있는 효모 발현 시스템은 비융합 pYES2 벡터(인비트로겐), 융합 pYESHisA, B, C(인비트로겐), pRS 벡터 등을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다.

[0435] 벡터의 조절 서열은 전사를 실행하는 프로모터, 이러한 전사를 조절하는 임의의 작동자(operator) 서열, 적합한 mRNA 리보솜 결합 자리를 코딩하는 서열 및 전사 및 번역의 종결을 제어하는 서열을 포함한다. 프로모터는 선택된 숙주 세포에서 전사 활성을 나타내는 임의의 DNA 서열일 수 있고, 숙주 세포에 동종성 또는 비상동성인 단백질을 코딩하는 유전자로부터 유래할 수 있다.

[0436] 포유동물 세포에서 FVIII 폴리펩타이드 변이체를 코딩하는 DNA의 전사를 지시하는 적합한 프로모터의 예는 SV40 프로모터(Subramani et al., *Mol. Cell. Biol.* 1 (1981), 854-864), MT-1(메탈로티오네인 유전자) 프로모터(Palmiter et al., *Science* 222 (1983), 809-814), CMV 프로모터(Boshart et al., *Cell* 41:521-530, 1985) 또는 아데노바이러스 2 주요 후기 프로모터(Kaufman and Sharp, *Mol. Cell. Biol,* 2:1304-1319, 1982)이다. 벡터는 또한 UCOE(편재성 염색질 개구 구성요소)와 같은 서열을 보유할 수 있다.

[0437] 섬질 진균 숙주 세포에서 사용하기에 적합한 프로모터의 예는 예를 들어 ADH3 프로모터 또는 tpiA 프로모터이다. 다른 유용한 프로모터의 예는 *A.* 오리자에(*oryzae*) TAKA 아말라제, 리조무코르 미에헤이(*Rhizomucor miehei*) 아스파르트산 단백질분해효소, *A.* 니게르(*niger*) 중성 α-아말라제, *A.* 니게르 산 안정 α-아말라제, *A.* 니게르 또는 *A.* 아와모리글루코아말라제(*awamoriglucoamylase*)(gluA), 리조무코르 미에헤이 리파제, *A.* 오리자에 알칼리 프로테아제, *A.* 오리자에 3탄당인산 아이소머라제 또는 *A.* 니둘란스(*nidulans*) 아세타

미다제를 코딩하는 유전자로부터 유래한 것이다. TAKA-아말라제 및 gluA 프로모터가 바람직하다.

[0438] 원핵 숙주와 발현 벡터에서 사용하기에 적합한 프로모터는 β-락타마제 및 락토스 프로모터 시스템[Chang et al., Nature, 275:615 (1978); Goeddel et al., Nature, 281:544 (1979)], 알칼리 포스파타제, 트리토판(trp) 프로모터 시스템[Goeddel, Nucleic Acids Res., 8:4057 (1980); EP 36,776] 및 하이브리드 프로모터, 예컨대 tac 프로모터[deBoer et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 80:21-25 (1983)]를 포함하고, 모두 CFXTEN 폴리펩타이드를 코딩하는 DNA에 작동적으로 연결된다. 박테리아 시스템에서 사용하기 위한 프로모터는 CFXTEN 폴리펩타이드를 코딩하는 DNA에 작동적으로 연결된 샤인-달가르노(Shine-Dalgarno: S.D.) 서열을 또한 포함할 수 있다.

[0439] 본 발명은, 예를 들면 바큘로바이러스 발현 시스템을 포함하는 다른 발현 시스템의 사용을 고려하고, 비융합 전달 벡터, 예컨대 pVL941(Summers, et al., Virology 84:390-402 (1978)), pVL1393(인비트로겐), pVL1392(Summers, et al., Virology 84:390-402 (1978) 및 인비트로겐) 및 pBlueBacIII(인비트로겐)(이들로 제한되지는 않음) 및 융합 전달 벡터, 예컨대 pAc700(Summers, et al., Virology 84:390-402 (1978)), pAc701 및 pAc70-2(pAc700과 동일, 상이한 판독 프레임을 가짐), pAc360 인비트로겐) 및 pBlueBacHisA, B, C(인비트로겐)(이들로 제한되지는 않음) 둘 다 사용될 수 있다.

[0440] 포유동물 세포에서 FVIII 폴리펩타이드 변이체를 코딩하는 DNA의 전사를 지시하기에 적합한 프로모터의 예는 CMV 프로모터(Boshart et al., *Cell* 41:521-530, 1985), SV40 프로모터(Subramani et al., *Mol. Cell. Biol.* 1 (1981), 854-864), MT-1(메탈로티오네인 유전자) 프로모터(Palmiter et al., *Science* 222 (1983), 809-814), 아데노바이러스 2 주요 후기 프로모터(Kaufman and Sharp, *Mol. Cell. Biol,* 2:1304-1319, 1982)이다. 벡터는 또한 UCOE(편재성 염색질 개구 구성요소)와 같은 서열을 보유할 수 있다.

[0441] CFXTEN을 코딩하는 DNA 서열은 또한, 필요한 경우, 적합한 종결자, 예컨대 hGH 종결자(Palmiter et al., *Science* 222, 1983, pp. 809-814) 또는 TPI1 종결자(Alber and Kawasaki, *J. Mol. Appl. Gen.* 1, 1982, pp. 419-434) 또는 ADH3(McKnight et al., *The EMBO J.* 4, 1985, pp. 2093-2099)에 작동적으로 연결될 수 있다. 발현 벡터는 프로모터로부터의 하류에 및 CFXTEN 서열 그 자체에 대한 삽입 부위로부터의 상류에 위치한, 아데노바이러스로부터 얻은 스플라이스 자리를 포함하는, 일련의 RNA 스플라이스 자리를 또한 포함할 수 있다. 삽입 부위의 하류에 위치한 폴리아데닐화 신호가 발현 벡터에 또한 포함된다. 특히 바람직한 폴리아데닐화 신호는 SV40으로부터의 조기 또는 후기 폴리아데닐화 신호(Kaufman and Sharp, 동일 문헌), hGH 종결자인 아데노바이러스 5 E1b 구역으로부터의 폴리아데닐화 신호(DeNoto et al. Nucl. Acids Res. 9:3719-3730, 1981)를 포함한다. 발현 벡터는 비코딩 바이러스 리더 서열, 예컨대 프로모터와 RNA 스플라이스 자리 사이에 위치한 아데노바이러스 2 삼심열(tripartite) 리더; 및 인핸서 서열, 예컨대 SV40 인핸서를 또한 포함할 수 있다.

[0442] 본 발명의 CFXTEN을 숙주 세포의 분비 경로로 지시하기 위해, (리더 서열, 프리프로 서열 또는 프리 서열로도 공지된) 분비 신호 서열은 재조합 벡터에 포함될 수 있다. 분비 신호 서열은 CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 DNA 서열에 5'에 보통 위치하는 CFXTEN을 코딩하는 DNA 서열에 작동적으로 연결된다. 분비 신호 서열은 네이티브 FVIII 단백질과 보통 관련되는 것일 수 있거나, 다른 분비된 단백질을 코딩하는 유전자 유래일 수 있다. 비제한적인 예는 이. 콜라이 발현을 위한 OmpA, PhoA 및 DsbA, 효모 발현을 위한 ppL-알파, DEX4, 인버타제(invertase) 신호 펩타이드, 산 포스파타제 신호 펩타이드, CPY 또는 INU1 및 포유동물 발현을 위한 IL2L, SV40, IgG 카파 및 IgG 람다를 포함한다. 신호 서열은 통상적으로 전위 및 분비 과정 동안 단백질로부터 단백질 분해로 제거되어, 한정된 N 말단을 생성한다. 상기 방법은 문헌[Arnau, *et al.*, Protein Expression and Purification 48: 1-13 (2006)]에 개시되어 있다.

[0443] CFXTEN을 코딩하는 DNA 서열, 프로모터 및 임의로 종결자 및/또는 분비 신호 서열을 각각 결찰하고 이들을 복제에 필요한 정보를 포함하는 적합한 벡터로 삽입하기 위해 이용되는 절차는 당해 분야의 당업자에게 널리 공지되어 있다(참조, 예를 들어, 문헌[Sambrook, J. *et al.*, "Molecular Cloning: A Laboratory Manual," 3rd edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2001]참조). 이러한 방식으로, 단량체 CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 키메라 DNA 분자는 작제물 내에 생성된다. 임의로, 이 키메라 DNA 분자는 더 적절한 발현 벡터인 다른 작제물로 전달되거나 클로닝될 수 있다. 이때, 키메라 DNA 분자를 발현할 수 있는 숙주 세포는 키메라 DNA 분자로 형질전환될 수 있다.

[0444] 본 발명에서 사용하기 위한 포유동물 세포주의 비제한적인 예는 COS-1(ATCC CRL 1650), COS-7(ATCC CRL 1651), BHK-21(ATCC CCL 10)) 및 BHK-293(ATCC CRL 1573; Graham et al., *J. Gen. Virol.* 36:59-72, 1977), BHK-570 세포(ATCC CRL 10314), CHO-K1(ATCC CCL 61), CHO-S(인비트로겐 11619-012) 및 293-F(인비트로겐 R790-7) 및

FVIII의 발현에 유용한 당해 분야에 공지된 부모 및 유도체 세포주이다. tk-ts13 BHK 세포주는 또한 수탁 번호 CRL 1632 하에 ATCC로부터 구입 가능하다. 또한, 래트 Hep I(래트 간세포암; ATCC CRL 1600), 래트 Hep II(래트 간세포암; ATCC CRL 1548), TCMK(ATCC CCL 139), 인간 폐(ATCC HB 8065), NCTC 1469(ATCC CCL 9.1), CHO(ATCC CCL 61) 및 DUKX 세포(Urlaub and Chasin, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 77:4216-4220, 1980)를 포함하는 다양한 다른 세포주를 본 발명 내에 사용할 수 있다.

[0445] 적합한 효모 세포의 예는 사카로마이세스(*Saccharomyces*) 종 또는 치조사카로마이세스(*Schizosaccharomyces*) 종, 특히 사카로마이세스 세레비시아에(*Saccharomyces cerevisiae*) 또는 사카로마이세스 클루이베리(*Saccharomyces kluyveri*)의 균주의 세포를 포함한다. 비상동 DNA로 효모 세포를 형질전환하고 이로부터 비상동 폴리펩타이드를 제조하는 방법은, 예를 들면 미국 특허 제4,599,311호, 미국 특허 제4,931,373호, 미국 특허 제4,870,008호, 5,037,743호 및 미국 특허 제4,845,075호(이들 모두 참조문헌으로 본 명세서에 포함됨)에 기재되어 있다. 형질전환된 세포는 선택 가능한 마커에 의해 결정되는 표현형, 보통 약물 내성 또는 특정한 영양소, 예를 들면 류신의 존재 하에 성장하는 능력에 의해 선택된다. 효모에서 사용하기에 바람직한 벡터는 미국 특허 제4,931,373호에 개시된 POT1 벡터이다. CFXTEN을 코딩하는 DNA 서열에, 예를 들면 상기 기재된 바대로 신호 서열 및 임의로 리더 서열이 선행될 수 있다. 적합한 효모 세포의 추가의 예는 클루이베로마이세스(*Kluyveromyces*), 예컨대 *K.* 락티스(*lactis*), 한세눌라(*Hansenula*), 예를 들면 *H.* 폴리모르파 또는 피치아(*Pichia*), 예를 들면 *P.* 파스토리스(*pastoris*)(참조[Gleeson et al., *J. Gen. Microbiol.* 132, 1986, pp. 3459-3465]; 미국 특허 제4,882,279호)의 균주이다. 다른 진균 세포의 예는 섬질 진균, 예를 들면 아스퍼질러스 종, 뉴로스포라(*Neurospora*) 종, 푸사리움(*Fusarium*) 종 또는 트라이코데르마(*Trichoderma*) 종, 특히 *A.* 오리자에, *A.* 니둘란스 또는 *A.* 니게르의 균주의 세포이다. 단백질의 발현을 위한 아스퍼질러스 종의 사용은, 예를 들면 EP 272 277, EP 238 023, EP 184 438에 기재되어 있다. *F.* 옥시스포룸(*oxysporum*)의 형질전환을 예를 들어 문헌[Malardier et al., 1989, *Gene* 78: 147-156]에 기재된 바대로 수행할 수 있다. 트라이코데르마 종의 형질전환을 예를 들어 EP 244 234에 기재된 바대로 수행할 수 있다.

[0446] 본 발명에서 사용될 수 있는 다른 적합한 세포는 원핵 숙주 세포 균주, 예컨대 에스체리치아 콜라이(*Escherichia coli*), (예를 들면, 균주 DH5-α), 바실러스 서브틸리스(*Bacillus subtilis*), 살모넬라 티피무리움(*Salmonella typhimurium*) 또는 슈도모나스(*Pseudomonas*), 스트렙토마이세스(*Streptomyces*) 및 스타필로코커스(*Staphylococcus*)의 속의 균주를 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 적합한 원핵생물의 비제한적인 예는 악티노플라너스(*Actinoplanes*); 아르카에오글로부스(*Archaeoglobus*); 브델로비브리오(*Bdellovibrio*); 보렐리아(*Borrelia*); 클로로플렉서스(*Chloroflexus*); 엔테로코커스(*Enterococcus*); 에스체리치아(*Escherichia*); 락토바실러스(*Lactobacillus*); 리스테리아(*Listeria*); 오세아노바실러스(*Oceanobacillus*); 파라코커스(*Paracoccus*); 슈도모나스; 스타필로코커스; 스트렙토코커스; 스트렙토마이세스; 써모플라스마(*Thermoplasma*); 및 비브리오(*Vibrio*)의 속 유래의 것을 포함한다.

[0447] 포유동물 세포를 형질감염시키고 세포에 도입된 DNA 서열을 발현시키는 방법은, 예를 들면 문헌[Kaufman and Sharp, *J. Mol. Biol.* 159 (1982), 601-621; Southern and Berg, *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (1982), 327-341; Loyter et al., *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 79 (1982), 422-426; Wigler et al., *Cell* 14 (1978), 725; Corsaro and Pearson, *Somatic Cell Genetics* 7 (1981), 603, Graham and van der Eb, *Virology* 52 (1973), 456; 및 Neumann et al., *EMBO J.* 1 (1982), 841-845]에 기재되어 있다.

[0448] 클로닝된 DNA 서열을, 예를 들면 인산칼슘 매개 형질감염(Wigler et al., Cell 14:725-732, 1978; Corsaro and Pearson, Somatic Cell Genetics 7:603-616, 1981; Graham and Van der Eb, Virology 52d:456-467, 1973), 많은 상업적으로 구입 가능한 시약, 예컨대 푸제넥 로슈 다이그노스틱스(FuGENEG Roche Diagnostics)(독일 만하임 소재)에 의한 형질감염 또는 리포펙타민(인비트로겐) 또는 전기천공(Neumann et al., EMBO J. 1:841-845, 1982)에 의해 배양된 포유동물 세포에 도입한다. 외인성 DNA를 발현하는 세포를 확인하고 선택하기 위해, 선택 가능한 표현형(선택 가능한 마커)을 부여하는 유전자는 일반적으로 관심 있는 유전자 또는 cDNA와 함께 세포로 도입된다. 바람직한 선택 가능한 마커는 네오마이신, 히그로마이신, 퓨로마이신, 제오신 및 메토트렉세이트와 같은 약물에 내성을 부여하는 유전자를 포함한다. 선택 가능한 마커는 증폭 가능한 선택 가능한 마커일 수 있다. 바람직한 증폭 가능한 선택 가능한 마커는 다이하이드로엽산 환원효소(DHFR) 서열이다. 선택 가능한 마커의 추가의 예는 당해 분야의 당업자에게 널리 공지되어 있고, 증대된 녹색 형광 단백질(EGFP), 베타-갈락토시다제(β-gal) 또는 클로르암페니콜 아세틸트랜스퍼라제(CAT)와 같은 리포터를 포함한다. 선택 가능한 마커는 틸리(Thilly)(Mammalian Cell Technology, Butterworth Publishers, 메사추세츠주 스톤햄 소재(본 명세서에 참조문헌으로 포함됨))에 의해 검토되어 있다. 당해 분야의 당업자는 적합한 선택 가능한 마커를 용이하게 선택할 수

있다. 임의의 공지된 선택 가능한 마커는 유전자 생성물을 코딩하는 핵산과 동시에 발현될 수 있는 한 이용될 수 있다.

[0449] 선택 가능한 마커를 관심 있는 유전자와 동시에 별개의 플라즈미드 상의 세포로 도입할 수 있거나, 동일한 플라즈미드 상에 도입할 수 있다. 동일한 플라즈미드 상에서, 선택 가능한 마커 및 관심 있는 유전자가 상이한 프로모터 또는 동일한 프로모터의 제어 하에 있을 수 있는 경우, 후자 배치는 디시스트론 메세지(dicistronic message)를 생성한다. 이 유형의 작제물은 당해 분야에 공지되어 있다(예를 들면, 레빈슨(Levinson) 및 시몬센(Simonsen), 미국 특허 제4,713,339호). 세포로 도입된 혼합물에 "이동 DNA"로 공지된 추가의 DNA를 첨가하는 것이 또한 유리할 수 있다.

[0450] 세포가 DNA를 흡수한 후, 이를 적절한 성장 배지 중에 통상적으로 1 내지 2일 성장시켜 관심 있는 유전자를 발현시키기 시작한다. 본 명세서에 사용되는 용어 "적절한 성장 배지"는 세포의 성장 및 관심 있는 CFXTEN의 발현에 필요한 영양소 및 다른 성분을 포함하는 배지를 의미한다. 배지는 일반적으로 탄소원, 질소원, 필수 아미노산, 필수 당, 비타민, 염, 인지질, 단백질 및 성장 인자를 포함한다. 감마-카복실화 단백질의 제조를 위해, 배지는 바람직하게는 약 0.1㎍/㎖ 내지 약 5㎍/㎖의 농도로 비타민 K를 포함한다. 이후, 안정한 방식으로 선택 가능한 마커를 발현하는 세포의 성장을 선택하도록 약물 선택을 적용한다. 증폭 가능한 선택 가능한 마커로 형질감염된 세포의 경우, 클로닝된 서열의 카피수 증가를 선택하여, 발현 수준을 증가시키도록 약물 농도를 증가시킬 수 있다. 이후, 관심 있는 FVIII 폴리펩타이드 변이체의 발현에 안정하게 형질감염된 세포의 클론을 스크리닝한다.

[0451] 이후, 형질전환된 또는 형질감염된 숙주 세포를 CFXTEN 폴리펩타이드의 발현을 허용하는 조건 하에 적합한 영양소 배지 하에 배양하고, 이후 생성된 펩타이드를 단리된 융합 단백질로서 배양물로부터 회수할 수 있다. 세포를 배양하기 위해 사용되는 배지는 숙주 세포를 성장시키기에 적합한 임의의 종래의 배지, 예컨대 적절한 보충물을 포함하는 최소 또는 복합 배지일 수 있다. 적합한 배지는 상업용 공급업자로부터 구입 가능하거나 (예를 들면, 미국 미생물 보존센터(American Type Culture Collection)의 카탈로그에서의) 공개된 레시피에 따라 제조될 수 있다. 배양 조건, 예컨대 온도, pH 등은 발현에 선택된 숙주 세포와 이전에 이용된 것이고, 당해 분야의 당업자에게 명확하다.

[0452] 유전자 발현을, 예를 들면 mRNA의 전사를 정량화하기 위해[Thomas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:5201-5205 (1980)] 종래의 사우던 블로팅(Southern blotting), 노던 블로팅(Northern blotting), 도트 블로팅(DNA 분석) 또는 본 명세서에 제공된 서열에 기초한 적절히 라벨링된 프로브를 사용한 인시츄 하이브리드화에 의해 직접 샘플 중에 측정할 수 있다. 대안적으로, DNA 듀플렉스, RNA 듀플렉스 및 DNA-RNA 하이브리드 듀플렉스 또는 DNA-단백질 듀플렉스를 포함하는 특이적 듀플렉스를 인식할 수 있는 항체를 사용할 수 있다. 항체를 결국 라벨링할 수 있고, 검정을 수행할 수 있고, 듀플렉스는 표면에 결합하여, 표면 상에 듀플렉스의 형성 시, 듀플렉스에 결합된 항체의 존재를 검출할 수 있다.

[0453] 유전자 발현을, 대안적으로, 면역학적 형광 방법, 예컨대 세포 또는 조직 절편의 면역조직화학 염색 및 세포 배양 또는 체액의 검정 또는 선택 가능한 마커의 검출에 의해 측정하여, 유전자 생성물의 발현을 직접 정량화할 수 있다. 면역조직화학 염색 및/또는 샘플 유체의 검정에 유용한 항체는 단일후보 또는 다중클론일 수 있고, 임의의 포유동물에서 제조될 수 있다. 편리하게는, 네이티브 서열 FVIII 폴리펩타이드 또는 본 명세서에 제공된 DNA 서열에 기초한 합성 펩타이드 또는 FVIII에 융합되고 특이적 항체 에피토프를 코딩하는 외인성 서열에 대해 항체를 제조할 수 있다. 선택 가능한 마커의 예는 당해 분야의 당업자에게 널리 공지되어 있고, 증대된 녹색 형광 단백질(EGFP), 베타-갈락토시다제(β-gal) 또는 클로르암페니콜 아세틸트랜스퍼라제(CAT)와 같은 리포터를 포함한다.

[0454] 발현된 CFXTEN 폴리펩타이드 생성물(들)을 당해 분야에 공지된 방법 또는 본 명세서에 개시된 방법에 의해 정제할 수 있다. 겔 여과, 친화도 정제(예를 들면, 항-FVIII 항체 칼럼을 이용한), 염 분별화, 이온 교환 크로마토그래피, 크기 배제 크로마토그래피, 수산화인회석 흡착 크로마토그래피, 소수성 상호작용 크로마토그래피 및 겔 전기영동과 같은 절차를 이용할 수 있고; 각각 각각의 숙주 세포에 의해 제조된 융합 단백질을 회수하고 정제하도록 조정된다. 종래의 화학 정제 수단, 예컨대 고성능 액체 크로마토그래피에 의해 추가의 정제를 성취할 수 있다. 몇몇 발현된 CFXTEN은 단리 및 정제 동안 재폴딩을 요할 수 있다. 정제 방법은 문헌[Robert K. Scopes, Protein Purification: Principles and Practice, Charles R. Castor (ed.), Springer-Verlag 1994] 및 상기 샘브룩 등의 문헌에 기재되어 있다. 다단계 정제 분리는 또한 문헌[Baron, *et al.*, Crit. Rev. Biotechnol. 10:179-90 (1990) 및 Below, *et al.*, J. Chromatogr. A. 679:67-83 (1994)]에 기재되어 있다. 치료학적 목적을

위해, 본 발명의 CFXTEN 융합 단백질이 실질적으로 순수한 것이 바람직하다. 따라서, 본 발명의 바람직한 실시형태에서, 본 발명의 CFXTEN은 적어도 약 90 내지 95%의 동질성, 바람직하게는 적어도 약 98%의 동질성으로 정제된다. 예를 들면, 겔 전기영동, HPLC 및 아미노 말단 아미노산 서열분석에 의해 순도를 평가할 수 있다.

[0455] **VIII). 약제학적 조성물**

[0456] 본 발명은 CFXTEN을 포함하는 약제학적 조성물을 제공한다. 일 실시형태에서, 약제학적 조성물은 본 명세서에 개시된 CFXTEN 융합 단백질을 적어도 하나의 약제학적으로 허용되는 담체와 혼합하여 포함한다. 본 발명의 CFXTEN 폴리펩타이드는 공지된 방법에 따라 제제화되어 약제학적으로 유용한 조성물을 제조할 수 있고, 폴리펩타이드는 약제학적으로 허용되는 담체 비히클, 예컨대 수용액, 완충제, 용매 및/또는 약제학적으로 허용되는 현탁액, 에멀션, 안정화제 또는 부형제와 혼합물과 배합된다. 비수성 용매의 예는 프로필 에틸렌 글라이콜, 폴리에틸렌 글라이콜 및 식물성 오일을 포함한다. 약제학적 조성물의 제제는 동결건조 제제 또는 수용액의 형태로 원하는 정도의 순도를 갖는 활성 CFXTEN 성분을 문헌[Remington's Pharmaceutical Sciences 16th edition, Osol, A. Ed. (1980)]에 기재된 바와 같은 임의의 생리학적으로 허용되는 담체, 부형제(예를 들면, 염화나트륨, 칼슘염, 수크로스 또는 폴리소르베이트) 또는 안정화제(예를 들면, 수크로스, 트레할로스, 라피노스, 아르기닌, 칼슘염, 글라이신 또는 히스티딘)와 혼합하여 저장을 위해 제조된다.

[0457] 약제학적 조성물은 투여 전에 재구성되는 동결건조 분말로서 제공될 수 있다. 다른 실시형태에서, 약제학적 조성물은 바이알 내의 액체 형태로 제공될 수 있고, 이 바이알의 내용물은 환자에게 직접 투여될 수 있다. 대안적으로, 조성물은 조성물의 투여를 위해 프리필드 주사기에서 액체로서 제공된다. 다른 실시형태에서, 조성물은 펌프와 일체화될 수 있는 프리필드 주사기에서 액체로서 제공된다.

[0458] 약제학적 조성물은 피하, 점적 펌프에 의한 피하, 근육내 및 정맥내를 포함하는 임의의 적합한 수단 또는 경로에 의해 투여될 수 있다. 바람직한 경로는 질환 및 수혜자의 연령 및 치료되는 병증의 중증도에 따라 변하는 것으로 이해된다.

[0459] 일 실시형태에서, 액체 형태의 또는 (동결건조 분발로서 제공될 때) 재구성 후의 CFXTEN 약제학적 조성물은 적어도 50IU/㎖ 또는 적어도 100IU/㎖ 또는 적어도 200IU/㎖ 또는 적어도 300IU/㎖ 또는 적어도 400IU/㎖의 활성 또는 적어도 500IU/㎖의 활성 또는 적어도 600IU/㎖의 활성을 갖는 응고 VIII 인자를 포함하고, 조성물은 일상적인 예방을 필요로 하는 피험체에게 VIII 인자 약제학적 조성물의 투여 후 적어도 약 12시간 또는 적어도 약 24시간 또는 적어도 약 48시간 또는 적어도 약 72시간 또는 적어도 약 96시간 또는 적어도 약 120시간 동안 혈액에서 정상 혈장 수준의 적어도 1.5%로 VIII 인자 활성을 증가시킬 수 있다. 다른 실시형태에서, 액체 형태의 또는 (동결건조 분발로서 제공될 때) 재구성 후의 CFXTEN 약제학적 조성물은 적어도 50IU/㎖ 또는 적어도 100IU/㎖ 또는 적어도 200IU/㎖ 또는 적어도 300IU/㎖ 또는 적어도 400IU/㎖ 또는 적어도 500IU/㎖의 활성 또는 적어도 600IU/㎖의 활성을 갖는 응고 VIII 인자를 포함하고, 조성물은 일상적인 예방을 필요로 하는 피험체에게 투여 후 적어도 약 12시간 또는 적어도 약 24시간 또는 적어도 약 48시간 또는 적어도 약 72시간 또는 적어도 약 96시간 또는 적어도 약 120시간 동안 혈액에서 정상 혈장 수준의 적어도 2.5%로 VIII 인자 활성을 증가시킬 수 있다. 상기 약제학적 조성물이 정맥내 경로 또는 피하 경로 또는 근육내 경로에 의한 투여와 상용성인 것으로 당해 분야에 공지된 하나 이상의 부형제, 완충제 또는 다른 성분을 포함하도록 제제화될 수 있는 것으로 구체적으로 고려된다. 따라서, 이 문단에 기재된 상기 실시형태에서, 약제학적 조성물은 피하로, 근육내 또는 정맥내 투여된다.

[0460] 본 발명의 조성물은 다양한 부형제를 사용하여 제제화될 수 있다. 적합한 부형제는 미결정 셀룰로스(예를 들면, 아비셀(Avicel) PH102, 아비셀 PH101), 폴리메타크릴레이트, 폴리(에틸 아크릴레이트, 메틸 메타크릴레이트, 트라이메틸암모니오에틸 메타크릴레이트 클로라이드)(예컨대, 유드라짓(Eudragit) RS-30D), 하이드록시프로필 메틸셀룰로스(메토셀(Methocel) K100M, 프리미엄 CR 메토셀 K100M, 메토셀 E5, 오파드라이(등록상표)), 마그네슘 스테아레이트, 탈크, 트라이에틸 시트레이트, 수성 에틸셀룰로스 분산액(수렐레아스(Surelease)(등록상표)) 및 프로타민 설페이트를 포함한다. 서방제는 또한, 예를 들면 용매, 분산 매질, 코팅, 항박테리아제 및 항진균제, 등장화제 및 흡수 지연제를 포함할 수 있는 담체를 포함할 수 있다. 광산 염, 예컨대 염산염, 브롬산염, 인산염 또는 황산염, 및 유기산의 염, 예컨대 아세테이트, 프로프리오네이트, 말로네이트 또는 벤조에이트와 같은 약제학적으로 허용되는 염이 또한 이 서방제에 사용될 수 있다. 조성물은 또한 액체, 예컨대 물, 식염수, 글라이세롤 및 에탄올, 및 습윤제, 유화제 또는 pH 완충제와 같은 물질을 포함할 수 있다. 리포솜을 또한 담체로서 사용할 수 있다.

[0461] 다른 실시형태에서, 본 발명의 조성물은 장기간 동안 제어 방식으로 유리한 활성 물질을 전달하는 데 있어서 유

용성을 나타낸 리포솜에서 캡슐화된다. 리포솜은 포획된 수성 용적을 포함하는 밀폐 2층 막이다. 리포솜은 또한 단일 막 2층을 갖는 단층 소포 또는 다수의 막 2층을 갖는 다층 소포(각각 다음 층으로부터 수성 층에 의해 분리됨)일 수 있다. 생성된 막 2층의 구조는 지질의 소수성(비극성) 꼬리가 2층의 중심을 향해 배향되고, 친수성(극성) 헤드가 수성 상을 향해 배향되는 구조이다. 일 실시형태에서, 리포솜은 단핵 식세포계의 장기, 주로 간 및 비장에 의한 흡수를 피하는 가요성 수용성 중합체로 코팅될 수 있다. 리포솜을 둘러싸기에 적합한 친수성 중합체는, 제한 없이, PEG, 폴리비닐피롤리돈, 폴리비닐메틸에터, 폴리메틸옥사졸린, 폴리에틸옥사졸린, 폴리하이드록시프로필옥사졸린, 폴리하이드록시프로필메타크릴아마이드, 폴리메타크릴아마이드, 폴리다이메틸아크릴아마이드, 폴리하이드록시프로필메타크릴레이트, 폴리하이드록시에틸아크릴레이트, 하이드록시메틸셀룰로스 하이드록시에틸셀룰로스, 폴리에틸렌글라이콜, 폴리아스파르트아마이드 및 미국 특허 제6,316,024호; 제6,126,966호; 제6,056,973호; 제6,043,094호(이의 내용은 그 전문이 참조문헌으로 포함됨)에 기재된 친수성 펩타이드 서열을 포함한다. 추가의 리포솜 기술은 미국 특허 제6,759,057호; 제6,406,713호; 제6,352,716호; 제6,316,024호; 제6,294,191호; 제6,126,966호; 제6,056,973호; 제6,043,094호; 제5,965,156호; 제5,916,588호; 제5,874,104호; 제5,215,680호; 및 제4,684,479호(이의 내용은 본 명세서에 참조문헌으로 포함됨)에 기재되어 있다. 이는 리포솜 및 지질 코팅된 마이크로버블 및 이의 제조 방법을 기술한다. 따라서, 당해 분야의 당업자는, 본 발명의 개시내용 및 이들 다른 특허의 개시내용 둘 다를 고려하여, 본 발명의 폴리펩타이드의 연장 방출을 위한 리포솜을 제조할 수 있다.

[0462] 액체 제제의 경우, 원하는 특성은 정맥내, 근육내, 관절내 또는 피하 투여를 위해 25, 28, 30, 31, 32 게이지 니들을 통과할 수 있는 형태로 제제가 제공되는 것이다.

[0463] 주사기 펌프는 또한 서방 방출제로서 사용될 수 있다. 이러한 디바이스는 미국 특허 제4,976,696호; 제4,933,185호; 제5,017,378호; 제6,309,370호; 제6,254,573호; 제4,435,173호; 제4,398,908호; 제6,572,585호; 제5,298,022호; 제5,176,502호; 제5,492,534호; 제5,318,540호; 및 제4,988,337호(이의 내용은 본 명세서에 참조문헌으로 포함됨)에 기재되어 있다. 당해 분야의 당업자는, 본 발명의 개시내용 및 이들 다른 특허의 개시내용 둘 다를 고려하여, 본 발명의 폴리펩타이드의 연장 방출을 위한 주사기 펌프을 제조할 수 있다.

[0464] **IX). 약제학적 키트**

[0465] 다른 양태에서, 본 발명은 CFXTEN 폴리펩타이드의 사용을 촉진하는 키트를 제공한다. 키트는 본 명세서에 제공된 약제학적 조성물, 컨테이너 및 컨테이너 위의 또는 이와 관련된 라벨 또는 패키지 인서트를 포함한다. 적합한 컨테이너는 다양한 재료, 예컨대 유리 또는 플라스틱으로부터 형성된, 예를 들면 병, 바이알, 주사기 등을 포함한다. 컨테이너는 VIII 관련 병증을 치료하기에 효과적인 제제로서 약제학적 조성물을 보유하고, 무균 접근 포트를 가질 수 있다(예를 들면, 컨테이너는 피하 주사 니들에 의해 뚫릴 수 있는 스톱퍼를 갖는 정맥내 용액 백 또는 바이알일 수 있음). 패키지 인서트는 약물에 대한 허가 적응증, 허가된 적응증에 사용하기 위한 약물의 재구성 및/또는 투여를 위한 설명서, 적절한 용량 및 안전성 정보, 및 롯트 및 약물 유효기간을 나타낸 정보를 수록할 수 있다. 상기의 다른 실시형태에서, 키트는 약제학적 조성물에 대한 적합한 희석제를 보유할 수 있는 제2 컨테이너를 포함할 수 있고, 이의 사용은 피험체에게 전달하고자 하는 적절한 농도를 사용자에게 제공한다.

[0466] **실시예**

[0467] **실시예 1: XTEN_AD36 모티프 분절의 작제**

[0468] 하기 실시예는 36개의 아미노산의 모티프 서열을 코딩하는 코돈 최적화 유전자의 수집의 작제를 기술한다. 제1 단계로서, pET 벡터에 기초하고 T7 프로모터를 포함하는 스투퍼 벡터 pCW0359를 작제하였다. pCW0359는 셀룰로스 결합 도메인(CBD) 및 TEV 프로테아제 인식 자리를 코딩하고, 이 자리에 BsaI, BbsI 및 KpnI 자리에 의해 플랭킹된 스투퍼 서열이 후행한다. BsaI 및 BbsI 자리는 분해 후 상용성 오버행을 생성하도록 삽입된다. 스투퍼 서열에 GFP 유전자 및 His 태그의 절두된 버전이 후행한다. 스투퍼 서열은 중지 코돈 및 따라서 비형광 콜로니로부터 스투퍼 플라즈미드 pCW0359를 보유하는 이. 콜라이 세포를 포함한다. 스투퍼 벡터 pCW0359는 BsaI 및 KpnI에 의해 분해되어 스투퍼 분절을 제거하고 생성된 벡터 단편은 아가로스 겔 정제에 의해 단리된다. 서열은 지정된 XTEN_AD36이고, 모티프의 AD 패밀리를 반영한다. 이의 분절은 아미노산 서열 $[X]_3$(여기서, X는 서열: GESPGGSSGSES(서열 번호 19), GSEGSSGPGESS(서열 번호 20), GSSESGSSEGGP(서열 번호 21) 또는 GSGGEPSESGSS(서열 번호 22)를 갖는 12합체 펩타이드임)을 갖는다. 삽입체는 인산화 합성 올리고뉴클레오타이드 쌍의 하기 쌍을 어닐링함으로써 얻어진다:

[0469] AD1for: AGGTGAATCTCCDGGTGGYTCYAGCGGTTCYGARTC(서열 번호 1619)

[0470] AD1rev: ACCTGAYTCRGAACCGCTRGARCCACCHGGAGATTC(서열 번호 1620)

[0471] AD2for: AGGTAGCGAAGGTTCTTCYGGTCCDGGYGARTCYTC(서열 번호 1621)

[0472] AD2rev: ACCTGARGAYTCRCCHGGACCRGAAGAACCTTCGCT(서열 번호 1622)

[0473] AD3for: AGGTTCYTCYGAAAGCGGTTCTTCYGARGGYGGTCC(서열 번호 1623)

[0474] AD3rev: ACCTGGACCRCCYTCRGAAGAACCGCTTTCRGARGA(서열 번호 1624)

[0475] AD4for: AGGTTCYGGTGGYGAACCDTCYGARTCTGGTAGCTC(서열 번호 1625)

[0476] 본 발명자들은 또한 인산화 올리고뉴클레오타이드 3KpnI스톱퍼For: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC(서열 번호 1626) 및 비인산화 올리고뉴클레오타이드 pr_3KpnI스톱퍼Rev: CCTCGAGTGAAGACGA(서열 번호 1627)를 어닐링하였다. 어닐링된 올리고뉴클레오타이드 쌍을 결찰하여, 1개의 BbsI/KpnI 분절에 결찰된 다양한 수의 12합체 반복부를 나타내는 다양한 길이의 생성물의 혼합물을 생성하였다. 36개의 아미노산의 길이에 상응하는 생성물을 분취용 아가로스 겔 전기영동에 의해 혼합물로부터 단리시키고 BsaI/KpnI 분해된 스투퍼 벡터 pCW0359에 결찰하였다. 생성된 라이브러리 지정된 LCW0401에서의 대부분의 클론은 유도 후 녹색 형광을 나타냈고, 이는 XTEN_AD36의 서열이 GFP 유전자와 프레임에서 결찰되고 XTEN_AD36의 대부분의 서열이 우수한 발현 수준을 갖는다는 것을 나타낸다.

[0477] 본 발명자들은 IPTG를 포함하는 한천 플레이트에 라이브러리 LCW0401을 스탬핑함으로써 높은 수준의 형광에 대한 이 라이브러리로부터 96개의 단리물을 스크리닝하였다. 동일한 단리물을 PCR에 의해 평가하고, 36개의 아미노산 및 강한 형광을 갖는 분절을 포함하는 48개의 단리물이 확인되었다. 이 단리물을 서열분석하고, 정확한 XTEN_AD36 분절을 포함하는 39개의 클론이 확인되었다. 뉴클레오타이드 및 아미노산 작제물의 파일명 및 이러한 분절에 대한 서열이 표 13에 기재되어 있다.

표 13

AD 36 합체 모티프에 대한 DNA 및 아미노산 서열(출현 순서에서 각각 서열 번호 203-278)

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0401_001_GFP-N_A01.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCA
LCW0401_002_GFP-N_B01.ab1	GSEGSSGPGESSGESPGGSSGSESGSSESGSSEGGP	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAGTCTTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAATCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA
LCW0401_003_GFP-N_C01.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSES	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGTGGTCCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCCGAGTCA
LCW0401_004_GFP-N_D01.ab1	GSGGEPSESGSSGSESGSSEGGPGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGCGAACCGTCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGTGGTCCAGGTTCTGGTGGTGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_007_GFP-N_F01.ab1	GSSESGSSEGGPGSEGSSGPGESSGSEGSSGPGESS	GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAGTCTTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCTTCA
LCW0401_008_GFP-N_G01.ab1	GSSESGSSEGGPGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGTGAATCCTCA
LCW0401_012_GFP-N_H01.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESS	GGTTCTGGTGGTGAACCGTCTGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAGTCTTCA
LCW0401_015_GFP-N_A02.ab1	GSSESGSSEGGPGSEGSSGPGESSGESPGGSSGSES	GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCA
LCW0401_016_GFP-N_B02.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGP	GGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA
LCW0401_020_GFP-N_E02.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSSESGSSEGGP	GGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAATCTTCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCA
LCW0401_022_GFP-N_F02.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSS	GGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCAGGTTCCGGTGGCGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_024_GFP-N_G02.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAATCA
LCW0401_026_GFP-N_H02.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESS	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCTGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAATCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAATCTTCA

[0478]

[0479]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0401_027_GFP-N_A03.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCTGAGTCAGGTTCTGGTGGTGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_028_GFP-N_B03.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGP	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGTCCA
LCW0401_030_GFP-N_C03.ab1	GESPGGSSGSESGSEGSSGPGESSGSEGSSGPGESS	GGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGTGAGTCCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCA
LCW0401_031_GFP-N_D03.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGP	GGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCGGTGGTGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCA
LCW0401_033_GFP-N_E03.ab1	GSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSSGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGTGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTTCCGGTGGTGAACCATCCGAGTCTGGTAGCTCA
LCW0401_037_GFP-N_F03.ab1	GSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGPGSEGSSGPGESS	GGTTCCGGTGGCGAACCTTCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCGGGCGAGTCTTCA
LCW0401_038_GFP-N_G03.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGSGGEPSESGSS	GGTTCCGGTGGTGAACCGTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCGGGTGAGTCTTCAGGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_039_GFP-N_H03.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGSGGEPSESGSS	GGTTCTGGTGGCGAACCGTCCGAATCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGCTCA
LCW0401_040_GFP-N_A04.ab1	GSSESGSSEGGPGSGGEPSESGSSGSSESGSSEGGP	GGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGCGGTCCAGGTTCCGGTGGTGAACCATCTGAATCTGGTAGCTCAGGTTCTTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGTGGTCCA
LCW0401_042_GFP-N_C04.ab1	GSEGSSGPGESSGESPGGSSGSESGSEGSSGPGESS	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGTGAGTCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAGTCCTCA
LCW0401_046_GFP-N_D04.ab1	GSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGPGSSESGSSEGGP	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGCGGTCCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGTCCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGTGGTCCA
LCW0401_047_GFP-N_E04.ab1	GSGGEPSESGSSGESPGGSSGSESGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCTTCCGAGTCTGGTAGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGTTCTGAGTCA
LCW0401_051_GFP-N_F04.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGSSGPGESSGESPGGSSGSES	GGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAGTCTGGTAGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGCGAGTCTTCAGGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGTTCTGAGTCA
LCW0401_053_GFP-	GESPGGSSGSESGESPGGSSGSESGESPGGSSGS	GGTGAATCTCCTGGTGGTTCCAGCGGTTCCGAGTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGTTCC

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
N_H04.ab1	ES	GAGTCAGGTGAATCTCCTGGTGGTTCTAGCGGT TCTGAATCA
LCW0401_054 _GFP-N_A05.ab1	GSEGSSGPGESSGSEGS SGPGESSGSGGEPSESG SS	GGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCAGGTGAATCT TCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGTGAA TCCTCAGGTTCCGGTGGCGAACCATCTGAATCT GGTAGCTCA
LCW0401_059 _GFP-N_D05.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGS SGPGESSGESPGGSSGS ES	GGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAATCTGGTAGC TCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAA TCTTCAGGTGAATCTCCAGGTGGCTCTAGCGGT TCCGAATCA
LCW0401_060 _GFP-N_E05.ab1	GSGGEPSESGSSGSSES GSSEGGPGSGGEPSES GSS	GGTTCCGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGC TCAGGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCCGAGGGT GGTCCAGGTTCCGGTGGTGAACCTTCTGAGTCT GGTAGCTCA
LCW0401_061 _GFP-N_F05.ab1	GSSESGSSEGGPGSGG EPSESGSSGSEGSSGPG ESS	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAGGGCGGT CCAGGTTCTGGTGGCGAACCATCTGAATCTGGT AGCTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCGGGT GAATCTTCA
LCW0401_063 _GFP-N_H05.ab1	GSGGEPSESGSSGSEGS SGPGESSGSEGSSGPGE SS	GGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCTGGTAGC TCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGCGAG TCTTCAGGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCTGGT GAATCTTCA
LCW0401_066 _GFP-N_B06.ab1	GSGGEPSESGSSGSSES GSSEGGPGSGGEPSES GSS	GGTTCTGGTGGCGAACCATCCGAGTCTGGTAGC TCAGGTTCTTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGC GGTCCAGGTTCTGGTGGTGAACCGTCCGAATCT GGTAGCTCA
LCW0401_067 _GFP-N_C06.ab1	GSGGEPSESGSSGESPG GSSGSESGESPGGSSGS ES	GGTTCCGGTGGCGAACCTTCCGAATCTGGTAGC TCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCTAGCGGTTCC GAATCAGGTGAATCTCCAGGTGGTTCTAGCGGT TCCGAATCA
LCW0401_069 _GFP-N_D06.ab1	GSGGEPSESGSSGSGG EPSESGSSGESPGGSSG SES	GGTTCCGGTGGTGAACCATCTGAGTCTGGTAGC TCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAGTCTGGT AGCTCAGGTGAATCTCCGGGTGGTTCCAGCGGT TCCGAATCA
LCW0401_070 _GFP-N_E06.ab1	GSEGSSGPGESSGSSES GSSEGGPGSEGSSGPG ESS	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCGGGCGAATCC TCAGGTTCCTCCGAAAGCGGTTCTTCCGAAGGT GGTCCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGT GAATCTTCA
LCW0401_078 _GFP-N_F06.ab1	GSSESGSSEGGPGESPG GSSGSESGESPGGSSGS ES	GGTTCCTCTGAAAGCGGTTCTTCTGAAGGCGGT CCAGGTGAATCTCCGGGTGGCTCCAGCGGTTCT GAATCAGGTGAATCTCCTGGTGGCTCCAGCGGT TCCGAGTCA
LCW0401_079 _GFP-N_G06.ab1	GSEGSSGPGESSGSEGS SGPGESSGSGGEPSESG SS	GGTAGCGAAGGTTCTTCTGGTCCAGGCGAGTCT TCAGGTAGCGAAGGTTCTTCCGGTCCTGGCGAG TCTTCAGGTTCCGGTGGCGAACCGTCCGAATCT GGTAGCTCA

[0480]

[0481] **실시예 2: XTEN_AE36 분절의 작제**

[0482] 36개의 아미노산 길이의 XTEN 서열을 코딩하는 코돈 라이브러리를 작제하였다. XTEN 서열은 XTEN_AE36이라 칭한다. 이의 분절은 아미노산 서열 $[X]_3$(여기서, X는 서열: GSPAGSPTSTEE(서열 번호 23), GSEPATSGSETP(서열 번호 24), GTSESATPESGP(서열 번호 25) 또는 GTSTEPSEGSAP(서열 번호 26)를 갖는 12합체 펩타이드임)을 갖는다. 삽입체는 인산화 합성 올리고뉴클레오타이드 쌍의 하기 쌍을 어닐링함으로써 얻어진다:

[0483] AE1for: AGGTAGCCCDGCWGGYTCTCCDACYTCYACYGARGA(서열 번호 1628)

[0484] AE1rev: ACCTTCYTCRGTRGARGTHGGAGARCCWGCHGGGCT(서열 번호 1629)

[0485] AE2for: AGGTAGCGAACCKGCWACYTCYGGYTCTGARACYCC(서열 번호 1630)

[0486] AE2rev: ACCTGGRGTYTCAGARCCRGARGTWGCMGGTTCGCT(서열 번호 1631)

[0487] AE3for: AGGTACYTCTGAAAGCGCWACYCCKGARTCYGGYCC(서열 번호 1632)

[0488] AE3rev: ACCTGGRCCRGAYTCMGGRGTWGCGCTTTCAGARGT(서열 번호 1633)

[0489] AE4for: AGGTACYTCTACYGAACCKTCYGARGGYAGCGCWCC(서열 번호 1634)

[0490] AE4rev: ACCTGGWGCGCTRCCYTCRGAMGGTTCRGTAGARGT(서열 번호 1635)

[0491] 본 발명자들은 또한 인산화 올리고뉴클레오타이드 3KpnI스톱퍼For: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC(서열 번호 1626) 및 비인산화 올리고뉴클레오타이드 pr_3KpnI스톱퍼Rev: CCTCGAGTGAAGACGA(서열 번호 1627)를 어닐링하였다. 어

닐링된 올리고뉴클레오타이드 쌍을 결찰하여, 1개의 BbsI/KpnI 분절에 결찰된 다양한 수의 12합체 반복부를 나타내는 다양한 길이의 생성물의 혼합물을 생성하였다. 36개의 아미노산의 길이에 상응하는 생성물을 분취용 아가로스 겔 전기영동에 의해 혼합물로부터 단리시키고 BsaI/KpnI 분해된 스투퍼 벡터 pCW0359에 결찰하였다. 생성된 라이브러리 지정된 LCW0402에서의 대부분의 클론은 유도 후 녹색 형광을 나타냈고, 이는 XTEN_AE36의 서열이 GFP 유전자와 프레임에서 결찰되고 XTEN_AE36의 대부분의 서열이 우수한 발현 수준을 갖는다는 것을 나타낸다.

[0492] 본 발명자들은 IPTG를 포함하는 한천 플레이트에 라이브러리 LCW0402를 스탬핑함으로써 높은 수준의 형광에 대한 이 라이브러리로부터 96개의 단리물을 스크리닝하였다. 동일한 단리물을 PCR에 의해 평가하고, 36개의 아미노산 및 강한 형광을 갖는 분절을 포함하는 48개의 단리물이 확인되었다. 이 단리물을 서열분석하고, 정확한 XTEN_AE36 분절을 포함하는 37개의 클론이 확인되었다. 뉴클레오타이드 및 아미노산 작제물의 파일명 및 이러한 분절에 대한 서열이 표 14에 기재되어 있다.

표 14

AE 36 합체 모티프에 대한 DNA 및 아미노산 서열(출현 순서에서 각각 서열 번호 279-352)

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0402_002_GFP-N_A07.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCA
LCW0402_003_GFP-N_B07.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_004_GFP-N_C07.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTACCTCTACCGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCTGGCCCA
LCW0402_005_GFP-N_D07.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCA
LCW0402_006_GFP-N_E07.ab1	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACTTCCACTGAGGAA
LCW0402_008_GFP-N_F07.ab1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_009_GFP-N_G07.ab1	GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSEPATSGSETP	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACCTCCACTGAAGAAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCA
LCW0402_011_GFP-N_A08.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCA
LCW0402_012_GFP-N_B08.ab1	GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCA
LCW0402_013_GFP-N_C08.ab1	GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCA
LCW0402_014_GFP-N_D08.ab1	GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCA
LCW0402_015_GFP-N_E08.ab1	GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP	GGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCTGGCCCA
LCW0402_016_GFP-N_F08.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCA

[0493]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0402_020_GFP-N_G08.ab1	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE	GGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGCAGCGCACCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCAACTTCTACTGAAGAA
LCW0402_023_GFP-N_A09.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP	GGTAGCCCTGCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACCCCA
LCW0402_024_GFP-N_B09.ab1	GTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE	GGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCCGGCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCAACTTCTACTGAAGAA
LCW0402_025_GFP-N_C09.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_026_GFP-N_D09.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP	GGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCA
LCW0402_027_GFP-N_E09.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCA
LCW0402_032_GFP-N_H09.ab1	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE	GGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCGGAGTCTGGTCCAGGTAGCCCTGCAGGTTCTCCTACCTCCACTGAGGAA
LCW0402_034_GFP-N_A10.ab1	GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_036_GFP-N_C10.ab1	GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCA
LCW0402_039_GFP-N_E10.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCA
LCW0402_040_GFP-N_F10.ab1	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCA
LCW0402_041_GFP-N_G10.ab1	GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTAGCCCAGCAGGTTCTCCTACCTCCACCGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCA
LCW0402_050_GFP-N_A11.ab1	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAAACCCCA
LCW0402_051_GFP-	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP	GGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGG

[0494]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
N_B11.ab1	ATSGSETP	CCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACCCCA
LCW0402_059_GFP-N_E11.ab1	GSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCA
LCW0402_060_GFP-N_F11.ab1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETP	GGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCTACCTCCGGTTCTGAAACTCCA
LCW0402_061_GFP-N_G11.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP	GGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCA
LCW0402_065_GFP-N_A12.ab1	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSESATPESGP	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCA
LCW0402_066_GFP-N_B12.ab1	GSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP	GGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCA
LCW0402_067_GFP-N_C12.ab1	GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP	GGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACTCCA
LCW0402_069_GFP-N_D12.ab1	GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETP	GGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCA
LCW0402_073_GFP-N_F12.ab1	GTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE	GGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAA
LCW0402_074_GFP-N_G12.ab1	GSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP	GGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTAGCCCAGCTGGTTCTCCAACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAATCTGGTCCA
LCW0402_075_GFP-N_H12.ab1	GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP	GGTACCTCTGAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCTGGTCCA

[0495]

[0496] **실시예 3: XTEN_AF36 분절의 작제**

[0497] 36개의 아미노산 길이의 코돈 라이브러리 코딩 서열을 작제하였다. XTEN 서열은 XTEN_AF36이라 칭한다. 이의 분절은 아미노산 서열 $[X]_3$(여기서, X는 서열: GSTSESPSGTAP(서열 번호 27), GTSTPESGSASP(서열 번호 28), GTSPSGESSTAP(서열 번호 29) 또는 GSTSSTAESPGP(서열 번호 30)를 갖는 12합체 펩타이드임)을 갖는다. 삽입체는 인산화 합성 올리고뉴클레오타이드 쌍의 하기 쌍을 어닐링함으로써 얻어진다:

[0498] AF1for: AGGTTCTACYAGCGAATCYCCKTCTGGYACYGCWCC(서열 번호 1636)

[0499] AF1rev: ACCTGGWGCRGTRCCAGAMGGRGATTCGCTRGTAGA(서열 번호 1637)

[0500] AF2for: AGGTACYTCTACYCCKGAAAGCGGYTCYGCWTCTCC(서열 번호 1638)

[0501] AF2rev: ACCTGGAGAWGCRGARCCGCTTTCMGGRGTAGARGT(서열 번호 1639)

[0502] AF3for: AGGTACYTCYCCKAGCGGYGAATCTTCTACYGCWCC(서열 번호 1640)

[0503] AF3rev: ACCTGGWGCRGTAGAAGATTCRCCGCTMGGRGARGT(서열 번호 1641)

[0504] AF4for: AGGTTCYACYAGCTCTACYGCWGAATCTCCKGGYCC(서열 번호 1642)

[0505] AF4rev: ACCTGGRCCMGGAGATTCWGCRGTAGAGCTRGTRGA(서열 번호 1643)

[0506] 본 발명자들은 또한 인산화 올리고뉴클레오타이드 3KpnI스톱퍼For: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC(서열 번호 1626) 및 비인산화 올리고뉴클레오타이드 pr_3KpnI스톱퍼Rev: CCTCGAGTGAAGACGA(서열 번호 1627)를 어닐링하였다. 어닐링된 올리고뉴클레오타이드 쌍을 결찰하여, 1개의 BbsI/KpnI 분절에 결찰된 다양한 수의 12합체 반복부를 나타내는 다양한 길이의 생성물의 혼합물을 생성하였다. 36개의 아미노산의 길이에 상응하는 생성물을 분취용 아

가로스 겔 전기영동에 의해 혼합물로부터 단리시키고 BsaI/KpnI 분해된 스투퍼 벡터 pCW0359에 결찰하였다. 생성된 라이브러리 지정된 LCW0403에서의 대부분의 클론은 유도 후 녹색 형광을 나타냈고, 이는 XTEN_AF36의 서열이 GFP 유전자와 프레임에서 결찰되고 XTEN_AF36의 대부분의 서열이 우수한 발현 수준을 갖는다는 것을 나타낸다.

[0507] 본 발명자들은 IPTG를 포함하는 한천 플레이트에 라이브러리 LCW0403을 스탬핑함으로써 높은 수준의 형광에 대한 이 라이브러리로부터 96개의 단리물을 스크리닝하였다. 동일한 단리물을 PCR에 의해 평가하고, 36개의 아미노산 및 강한 형광을 갖는 분절을 포함하는 48개의 단리물이 확인되었다. 이 단리물을 서열분석하고, 정확한 XTEN_AF36 분절을 포함하는 44개의 클론이 확인되었다. 뉴클레오타이드 및 아미노산 작제물의 파일명 및 이러한 분절에 대한 서열이 표 15에 기재되어 있다.

표 15

AF 36 합체 모티프에 대한 DNA 및 아미노산 서열(출현 순서에서 각각 서열 번호 353-440)

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0403_004_GFP-N_A01.ab1	GTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAP	GGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCA
LCW0403_005_GFP-N_B01.ab1	GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCA
LCW0403_006_GFP-N_C01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGCTCTGCTTCTCCA
LCW0403_007_GFP-N_D01.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCA
LCW0403_008_GFP-N_E01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
LCW0403_010_GFP-N_F01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCA
LCW0403_011_GFP-N_G01.ab1	GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCA
LCW0403_012_GFP-N_H01.ab1	GSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAP	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCACCA
LCW0403_013_GFP-N_A02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCA
LCW0403_014_GFP-N_B02.ab1	GSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAP	GGTTCCACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGCTCTGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCA
LCW0403_015_GFP-N_C02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCA
LCW0403_017_GFP-N_D02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_018_GFP-N_E02.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGTCCA

[0508]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0403_019_GFP-N_F02.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCCACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_023_GFP-N_H02.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGTACTGCACCA
LCW0403_024_GFP-N_A03.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTTCCACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCA
LCW0403_025_GFP-N_B03.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP	GGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCA
LCW0403_028_GFP-N_D03.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA
LCW0403_029_GFP-N_E03.ab1	GTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGP	GGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGCTCCGCATCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_030_GFP-N_F03.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASP	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA
LCW0403_031_GFP-N_G03.ab1	GTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASP	GGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCA
LCW0403_033_GFP-N_H03.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCACCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTTCCACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGGTCCA
LCW0403_035_GFP-N_A04.ab1	GSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGP	GGTTCCACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACTGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCA
LCW0403_036_GFP-N_B04.ab1	GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASP	GGTTCTACCAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTACTTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCACCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTCTCCA
LCW0403_039_GFP-N_C04.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAP	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCA
LCW0403_041_GFP-N_D04.ab1	GSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASP	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCTCCA
LCW0403_044_GFP-	GTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTS	GGTACCTCTACTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGG

[0509]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
N_E04.ab1	STAESPGP	CCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCT GGCCCA
LCW0403_046 _GFP- N_F04.ab1	GSTSESPSGTAPGS TSESPSGTAPGTSP SGESSTAP	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACTGCAC CAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGC ACCAGGTACTTCTCCGAGCGGCGAATCTTCTACT GCTCCA
LCW0403_047 _GFP- N_G04.ab1	GSTSSTAESPGPGS TSSTAESPGPGSTS ESPSGTAP	GGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCC CAGGTTCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGG CCCAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACC GCTCCA
LCW0403_049 _GFP- N_H04.ab1	GSTSSTAESPGPGS TSSTAESPGPGTST PESGSASP	GGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCTGGCC CAGGTTCTACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCTGG TCCAGGTACCTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCA TCTCCA
LCW0403_051 _GFP- N_A05.ab1	GSTSSTAESPGPGS TSSTAESPGPGSTS ESPSGTAP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCC CAGGTTCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGG TCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACC GCTCCA
LCW0403_053 _GFP- N_B05.ab1	GTSPSGESSTAPGS TSESPSGTAPGSTS STAESPGP	GGTACCTCCCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCAC CAGGTTCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACTGC TCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCAGAATCTCCG GGTCCA
LCW0403_054 _GFP- N_C05.ab1	GSTSESPSGTAPGT SPSGESSTAPGSTSS TAESPGP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTC CAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGC TCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAATCTCCG GGTCCA
LCW0403_057 _GFP- N_D05.ab1	GSTSSTAESPGPGS TSESPSGTAPGTSP SGESSTAP	GGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGGCC CAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACCGC ACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACT GCACCA
LCW0403_058 _GFP- N_E05.ab1	GSTSESPSGTAPGS TSESPSGTAPGTST PESGSASP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGCACTGCAC CAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGC ACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCT TCTCCA
LCW0403_060 _GFP- N_F05.ab1	GTSTPESGSASPGS TSESPSGTAPGSTS STAESPGP	GGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTC CAGGTTCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGC ACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCG GGCCCA
LCW0403_063 _GFP- N_G05.ab1	GSTSSTAESPGPGT SPSGESSTAPGTSPS GESSTAP	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCC CAGGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGC TCCAGGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACC GCTCCA
LCW0403_064 _GFP- N_H05.ab1	GTSPSGESSTAPGT SPSGESSTAPGTSPS GESSTAP	GGTACCTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTC CAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGC TCCAGGTACCTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACC GCACCA
LCW0403_065 _GFP- N_A06.ab1	GSTSSTAESPGPGT STPESGSASPGSTSE SPSGTAP	GGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCC CAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCTTC TCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACC GCACCA
LCW0403_066 _GFP- N_B06.ab1	GSTSESPSGTAPGT SPSGESSTAPGTSPS GESSTAP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACTGCTC CAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGC TCCAGGTACTTCCCCTAGCGGCGAATCTTCTACC GCTCCA

[0510]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0403_067 _GFP- N_C06.ab1	GSTSESPSGTAPGT STPESGSASPGSTSS TAESPGP	GGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGTACCGCTC CAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTC TCCAGGTTCCACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCG GGTCCA
LCW0403_068 _GFP- N_D06.ab1	GSTSSTAESPGPGS TSSTAESPGPGSTS ESPSGTAP	GGTTCCACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCC CAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCTCCTGG CCCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACC GCACCA
LCW0403_069 _GFP- N_E06.ab1	GSTSESPSGTAPGT STPESGSASPGTST PESGSASP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCAC CAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCTGCTTC TCCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGCTCCGCA TCTCCA
LCW0403_070 _GFP- N_F06.ab1	GSTSESPSGTAPGT STPESGSASPGTST PESGSASP	GGTTCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACTGCTC CAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGTTCCGCTTC TCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCA TCTCCA

[0511]

[0512] **실시예 4: XTEN_AG36 분절의 작제**

[0513] 36개의 아미노산 길이의 코돈 라이브러리 코딩 서열을 작제하였다. XTEN 서열은 XTEN_AG36이라 칭한다. 이의 분

절은 아미노산 서열 $[X]_3$(여기서, X는 서열: GTPGSGTASSSP(서열 번호 31), GSSTPSGATGSP(서열 번호 32), GSSPSASTGTGP(서열 번호 33) 또는 GASPGTSSTGSP(서열 번호 34)를 갖는 12합체 펩타이드임)을 갖는다. 삽입체는 인산화 합성 올리고뉴클레오타이드 쌍의 하기 쌍을 어닐링함으로써 얻어진다:

[0514] AG1for: AGGTACYCCKGGYAGCGGTACYGCWTCTTCYTCTCC(서열 번호 1644)

[0515] AG1rev: ACCTGGAGARGAAGAWGCRGTACCGCTRCCMGGRGT(서열 번호 1645)

[0516] AG2for: AGGTAGCTCTACYCCKTCTGGTGCWACYGGYTCYCC(서열 번호 1646)

[0517] AG2rev: ACCTGGRGARCCRGTWGCACCAGAMGGRGTAGAGCT(서열 번호 1647)

[0518] AG3for: AGGTTCTAGCCCKTCTGCWTCYACYGGTACYGGYCC(서열 번호 1648)

[0519] AG3rev: ACCTGGRCCRGTACCRGTRGAWGCAGAMGGGCTAGA(서열 번호 1649)

[0520] AG4for: AGGTGCWTCYCCKGGYACYAGCTCTACYGGTTCTCC(서열 번호 1650)

[0521] AG4rev: ACCTGGAGAACCRGTAGAGCTRGTRCCMGGRGAWGC(서열 번호 1651)

[0522] 본 발명자들은 또한 인산화 올리고뉴클레오타이드 3KpnI스톱퍼For: AGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC(서열 번호 1626) 및 비인산화 올리고뉴클레오타이드 pr_3KpnI스톱퍼Rev: CCTCGAGTGAAGACGA(서열 번호 1627)를 어닐링하였다. 어닐링된 올리고뉴클레오타이드 쌍을 결찰하여, 1개의 BbsI/KpnI 분절에 결찰된 다양한 수의 12합체 반복부를 나타내는 다양한 길이의 생성물의 혼합물을 생성하였다. 36개의 아미노산의 길이에 상응하는 생성물을 분취용 아가로스 겔 전기영동에 의해 혼합물로부터 단리시키고 BsaI/KpnI 분해된 스투퍼 벡터 pCW0359에 결찰하였다. 생성된 라이브러리 지정된 LCW0404에서의 대부분의 클론은 유도 후 녹색 형광을 나타냈고, 이는 XTEN_AG36의 서열이 GFP 유전자와 프레임에서 결찰되고 XTEN_AG36의 대부분의 서열이 우수한 발현 수준을 갖는다는 것을 나타낸다.

[0523] 본 발명자들은 IPTG를 포함하는 한천 플레이트에 라이브러리 LCW0404를 스탬핑함으로써 높은 수준의 형광에 대한 이 라이브러리로부터 96개의 단리물을 스크리닝하였다. 동일한 단리물을 PCR에 의해 평가하고, 36개의 아미노산 및 강한 형광을 갖는 분절을 포함하는 48개의 단리물이 확인되었다. 이 단리물을 서열분석하고, 정확한 XTEN_AG36 분절을 포함하는 44개의 클론이 확인되었다. 뉴클레오타이드 및 아미노산 작제물의 파일명 및 이러한 분절에 대한 서열이 표 16에 기재되어 있다.

표 16

AG 36 합체 모티프에 대한 DNA 및 아미노산 서열(출현 순서에서 각각 서열 번호 441-528)

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0404_001_GFP-N_A07.ab1	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTACTCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_003_GFP-N_B07.ab1	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_006_GFP-N_C07.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCCCCA
LCW0404_007_GFP-N_D07.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACTGGTTCCCCAGGTGCATCCCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_009_GFP-N_E07.ab1	GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGSRPSASTGTGP	GGTACCCCTGGCAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCCCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGACCTTCTGCATCCACCGGTACTGGTCCA
LCW0404_011_GFP-N_F07.ab1	GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTGCATCTCCTGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_012_GFP-N_G07.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCA
LCW0404_014_GFP-N_H07.ab1	GASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	GGTGCATCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCATCCCCTGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_015_GFP-N_A08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTGGCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_016_GFP-N_B08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP	GGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTCCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA
LCW0404_017_GFP-N_C08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_018_GFP-N_D08.ab1	GTPGSGTASSSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTACTCCTGGTAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA
LCW0404_023_GFP-N_F08.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSP	GGTGCTTCCCCGGGCACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCA

[0524]

[0525]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0404_025_GFP-N_G08.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCTTCTCCGGGTACCAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_029_GFP-N_A09.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP	GGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACCGGTACCGGCCCA
LCW0404_030_GFP-N_B09.ab1	GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGTPGSGTASSSP	GGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCTTCTCCA
LCW0404_031_GFP-N_C09.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTACCCCGGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_034_GFP-N_D09.ab1	GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTGCATCCCCGGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCA
LCW0404_035_GFP-N_E09.ab1	GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP	GGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTCCA
LCW0404_036_GFP-N_F09.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP	GGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACTGGTTCCCCAGGTACCCCTGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCA
LCW0404_037_GFP-N_G09.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP	GGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCA
LCW0404_040_GFP-N_H09.ab1	GASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTGCATCCCCGGGCACCAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCA
LCW0404_041_GFP-N_A10.ab1	GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP	GGTACCCCTGGTAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGTTCTCCAGGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCATCTTCTTCTCCA
LCW0404_043_GFP-N_C10.ab1	GSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGCTCTCCA
LCW0404_045_GFP-N_D10.ab1	GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP	GGTGCTTCTCCTGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACTGGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACTGGTACTGGTCCA
LCW0404_047_GFP-N_F10.ab1	GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP	GGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCTACTGGTTCTCCA
LCW0404_048_GFP-	GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGA	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTC

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
N_G10.ab1	TGSP	TCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGC TCTCCA
LCW0404_049 _GFP- N_H10.ab1	GSSTPSGATGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSG ATGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTC CAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTC TCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGC TCTCCA
LCW0404_050 _GFP- N_A11.ab1	GASPGTSSTGSPGSSP SASTGTGPGSSTPSG ATGSP	GGTGCATCTCCTGGTACCAGCTCTACTGGTTCTC CAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACCGG TCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGT TCTCCA
LCW0404_051 _GFP- N_B11.ab1	GSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGSSTPSGA TGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTC CAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGTTC CCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACTGGC TCTCCA
LCW0404_052 _GFP- N_C11.ab1	GASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGASPGTS STGSP	GGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTC CAGGTACTCCTGGCAGCGGTACTGCATCTTCCTC TCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGT TCTCCA
LCW0404_053 _GFP- N_D11.ab1	GSSTPSGATGSPGSSP SASTGTGPGASPGTS STGSP	GGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCAACTGGTTCTC CAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCCACTGGTACCGG TCCAGGTGCTTCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGT TCTCCA
LCW0404_057 _GFP- N_E11.ab1	GASPGTSSTGSPGSST PSGATGSPGSSPSAST GTGP	GGTGCATCTCCTGGTACTAGCTCTACTGGTTCTC CAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGCTC TCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACCGGTACT GGTCCA
LCW0404_060 _GFP- N_F11.ab1	GTPGSGTASSSPGSST PSGATGSPGASPGTSS TGSP	GGTACTCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTC CAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACTGGTTC CCCAGGTGCTTCTCCGGGTACCAGCTCTACCGGT TCTCCA
LCW0404_062 _GFP- N_G11.ab1	GSSTPSGATGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSG ATGSP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCC CAGGTACTCCTGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTC TCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGC TCCCCA
LCW0404_066 _GFP- N_H11.ab1	GSSPSASTGTGPGSSP SASTGTGPGASPGTS STGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGCC CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACTGG TCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACTGGT TCTCCA
LCW0404_067 _GFP- N_A12.ab1	GTPGSGTASSSPGSST PSGATGSPGSNPSAST GTGP	GGTACCCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCTTCTC CAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCTACCGGCTC TCCAGGTTCTAACCCTTCTGCATCCACCGGTACC GGCCCA
LCW0404_068 _GFP- N_B12.ab1	GSSPSASTGTGPGSST PSGATGSPGASPGTSS TGSP	GGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCC CAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACCGGCTC TCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCTACCGGT TCTCCA
LCW0404_069 _GFP- N_C12.ab1	GSSTPSGATGSPGASP GTSSTGSPGTPGSGT ASSSP	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTC CAGGTGCATCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTC TCCAGGTACTCCGGGTAGCGGTACCGCTTCTTCC TCTCCA
LCW0404_070 _GFP- N_D12.ab1	GSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGSSTPSGA TGSP	GGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCGGTTCCC CAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTC CCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACTGGC TCTCCA

[0526]

파일명	아미노산 서열	뉴클레오타이드 서열
LCW0404_073 _GFP- N_E12.ab1	GASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSG ATGSP	GGTGCTTCTCCTGGCACTAGCTCTACCGGTTCTC CAGGTACCCCTGGTAGCGGTACCGCATCTTCCTC TCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGT TCCCCA
LCW0404_075 _GFP- N_F12.ab1	GSSTPSGATGSPGSSP SASTGTGPGSSPSAST GTGP	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCCC CAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGG TCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCATCTACTGGTACT GGTCCA
LCW0404_080 _GFP- N_G12.ab1	GASPGTSSTGSPGSSP SASTGTGPGSSPSAST GTGP	GGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTC CAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACTGGTACTGG TCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACT GGTCCA
LCW0404_081 _GFP- N_H12.ab1	GASPGTSSTGSPGSSP SASTGTGPGTPGSGT ASSSP	GGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCTACCGGTTCTC CAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACCGG TCCAGGTACCCCTGGCAGCGGTACCGCATCTTCC TCTCCA

[0527]

[0528] **실시예 5: XTEN_AE864의 작제**

[0529] XTEN_AE36의 AE72, 144, 288, 576 및 864로의 연속 이합체화로부터 XTEN_AE864를 작제하였다. XTEN_AE36의 37

개의 상이한 분절로부터 XTEN_AE72 분절의 수집을 작제하였다. 모든 37개의 상이한 36개 아미노산 분절을 보유하는 이. 콜라이의 배양물을 혼합하고 플라즈미드를 단리하였다. 이 플라즈미드 풀을 BsaI/NcoI로 분해시켜 삽입체로서의 작은 단편을 생성하였다. 동일한 플라즈미드 풀을 BsaI/NcoI로 분해시켜 벡터로서의 큰 단편을 생성하였다. 삽입체 및 벡터 단편을 결찰하여 길이를 2배로 하고, 이 결찰 혼합물을 BL21Gold(DE3) 세포로 형질전환하여 XTEN_AE72의 콜로니를 얻었다.

[0530] XTEN_AE72 분절의 이 라이브러리를 LCW0406이라 칭한다. LCW0406으로부터의 모든 클론을 조합하고 상기 기재된 동일한 과정을 이용하여 다시 이합체화하여 XTEN_AE144의 라이브러리 LCW0410을 생성한다. LCW0410으로부터의 모든 클론을 조합하고 상기 기재된 동일한 과정을 이용하여 다시 이합체화하여 XTEN_AE288의 라이브러리 LCW0414를 생성한다. LCW0414.001 및 LCW0414.002의 2개의 단리물을 라이브러리로부터 무작위로 선택하고 서열분석하여 아이덴티티를 검증하였다. LCW0414로부터의 모든 클론을 조합하고 상기 기재된 동일한 과정을 이용하여 다시 이합체화하여 XTEN_AE576의 라이브러리 LCW0418을 생성한다. 본 발명자들은 높은 수준의 GFP 형광에 대한 라이브러리 LCW0418로부터 96개의 단리물을 스크리닝하였다. PCR 및 강한 형광에 의해 삽입체의 올바른 크기를 갖는 8개의 단리물을 서열분석하고 2개의 단리물(LCW0418.018 및 LCW0418.052)을 서열분석 및 발현 데이터에 기초하여 추가의 사용에 대해 선택하였다.

[0531] 상기 기재된 동일한 이합체화 과정을 이용하여 XTEN_AE576의 LCW0418.018 및 XTEN_AE288의 LCW0414.002를 조합하여 XTEN_AE864의 특이적 클론 pCW0432를 작제하였다.

[0532] **실시예 6: XTEN_AM144의 작제**

[0533] XTEN_AE36의 37개의 상이한 분절, XTEN_AF36의 44개의 분절 및 XTEN_AG36의 44개의 분절로부터 시작하여 XTEN_AM144 분절의 수집을 작제하였다.

[0534] 모든 125개의 상이한 36개 아미노산 분절을 보유하는 이. 콜라이의 배양물을 혼합하고 플라즈미드를 단리하였다. 이 플라즈미드 풀을 BsaI/NcoI로 분해시켜 삽입체로서의 작은 단편을 생성하였다. 동일한 플라즈미드 풀을 BsaI/NcoI로 분해시켜 벡터로서의 큰 단편을 생성하였다. 삽입체 및 벡터 단편을 결찰하여 길이를 2배로 하고, 이 결찰 혼합물을 BL21Gold(DE3) 세포로 형질전환하여 XTEN_AM72의 콜로니를 얻었다.

[0535] XTEN_AM72 분절의 이 라이브러리를 LCW0461이라 칭한다. LCW0461로부터의 모든 클론을 조합하고 상기 기재된 동일한 과정을 이용하여 다시 이합체화하여 라이브러리 LCW0462를 생성한다. 단백질 발현에 라이브러리 LCW0462로부터의 1512개의 단리물을 스크리닝하였다. 개별 콜로니를 96웰 플레이트로 옮기고 스타터 배양물로서 밤새 배양하였다. 이 스타터 배양물을 새로운 자기유도 배지에 희석하고 20-30시간 동안 배양하였다. 395㎚에서 여기하고 510㎚에서 방출하는 형광 플레이트 판독기를 사용하여 발현을 측정한다. 192개의 단리물은 높은 수준 발현을 나타냈고, DNA 서열분석으로 처리되었다. 라이브러리 LCW0462에서의 대부분의 클론은 우수한 발현 및 유사한 물리화학적 특성을 나타내어 XTEN_AM36 분절의 대부분의 조합이 유용한 XTEN 서열을 생성시킨다는 것을 제시한다. LCW0462로부터의 30개의 단리물을 다수의 XTEN 분절을 포함하는 다기능 단백질의 작제를 위한 XTEN_AM144 분절의 바람직한 수집물로 선택하였다. 뉴클레오타이드 및 아미노산 작제물의 파일명 및 이러한 분절에 대한 서열이 표 17에 기재되어 있다.

표 17

AM144 분절에 대한 DNA 및 아미노산 서열(출현 순서에서 각각 서열 번호 529-594)

클론	규격화된 서열	단백질 서열
LCW462_r1	GGTACCCCGGGCAGCGGTACCGCATCTTCCTCTCCAGGT AGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTAGC TCTACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTAGCCCG GCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAA AGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAA CCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCA TCCACCGGTACCGGCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCT ACCGGTACTGGTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCT ACTGGTTCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGT AGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGC GCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACT CCA	GTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGS STPSGATGSPGSP AGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTE PSEGSAPGSSPSA STGTGPGSSPSAS TGTGPGASPGTSS TGSPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSET P
LCW462_r5	GGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACTGCACCAGGT TCTACTAGCGAATCCCCTTCTGGTACCGCACCAGGTACT TCTCCGAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCT ACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGC GCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTGCATCTCCTGGTACC AGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGT GCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCT ACCGGTTCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACT GCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCT CCA	GSTSESPSGTAPG STSESPSGTAPGT SPSGESSTAPGTS TEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSES ATPESGPGASPGT SSTGSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGSTSESPSG TAPGSTSESPSGT APGTSTPESGSAS P
LCW462_r9	GGTACTTCTACCGAACCTTCCGAGGGCAGCGCACCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCCGGCCCAGGTACT TCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCT ACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAA AGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAA CCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCT TCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCT GGTTCTGAAACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACC TCCACCGAGGAAGGTGCTTCTCCTGGCACCAGCTCTACT GGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCTACCGGTACT GGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCCACTGGTACTGGT CCA	GTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGT SESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSEPATS GSETPGSPAGSPT STEEGASPGTSST GSPGSSPSASTGT GPGSSPSASTGTG P
LCW462_r10	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACT TCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCAGGTTCTACC AGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGC GAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGC GGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTGCATCTCCGGGTACT AGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCC ACTGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCT ACTGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACC GGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGC TCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCT CCA	GSEPATSGSETPG TSESATPESGPGT SESATPESGPGST SESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSPS GESSTAPGASPGT SSTGSPGSSPSAS TGTGPGSSTPSGA TGSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATG SPGASPGTSSTGS P
LCW462_r15	GGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTCCAGGT TCTAGCCCTTCTGCATCCACCGGTACCGGTCCAGGTAGC TCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGCTCTCCAGGTACTTCT GAAAGCGCTACCCCGGAATCTGGCCCAGGTAGCGAACCG GCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGCGAACCGGCT	GASPGTSSTGSPG SSPSASTGTGPGS STPSGATGSPGTS ESATPESGPGSEP ATSGSETPGSEPA

[0536]

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	ACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCT ACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCC GAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAG GGTAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGT AGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGC GCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACT CCA	TSGSETPGTSESA TPESGPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSET P
LCW462_r16	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGT AGCCCGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGGTACT TCTACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCT GAAAGCGCAACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCT GCTACCTCCGGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGC GCAACCCCGGAATCTGGTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCT CCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACT CCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAA GGTAGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCT GAAACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGC GCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACT CCA	GTSTEPSEGSAPG SPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSES ATPESGPGSPAGS PTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSE GSAPGSEPATSGS ETPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSET P
LCW462_r20	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACC TCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT ACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACT GAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAA CCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTACCGAACCT TCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACC CCTGAGTCCGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCT GAATCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGT AGCGCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAA ACCCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGG AA	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESAT PESGPGTSESATP ESGPGTSTEPSEG SAPGSEPATSGSE TPGSPAGSPTSTE E
LCW462_r23	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGT ACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCTACC AGCGAATCCCCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGC GAATCCCCTTCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTACCCCT GAAAGCGGCTCCGCTTCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACC TCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACT CCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAG GGCAGCGCACCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGT AGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCC GGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGC CCA	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGST SESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSTP ESGSASPGSEPAT SGSETPGTSESAT PESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPES GPGTSESATPESG P
LCW462_r24	GGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGT TCTAGCCCGTCTGCTTCTACCGGTACCGGTCCAGGTAGC TCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGTAGCCCT GCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCT GGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAA CCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTGCTTCCCCGGGCACT AGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCT ACTGGTACTGGCCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCT TCTTCCTCTCCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAATCT CCTGGCCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACC GCTCCAGGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCTGCATCT	GSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGS STPSGATGSPGSP AGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGASPGT SSTGSPGSSPSAS TGTGPGTPGSGT ASSSPGSTSSTAE SPGPGTSPSGESS TAPGTSTPESGSA

[0537]

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	CCA	SP
LCW462_r27	GGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCCGGTCCAGGTACT TCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT ACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAA AGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGC GCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACTCCTGGCAGCGGT ACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGC TCTACTGGTTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACTAGCTCT ACTGGTTCTCCAGGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCT ACTGAGGAAGGTAGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACT GAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCT CCA	GTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSES ATPESGPGTPGSG TASSSPGASPGTS STGSPGASPGTSS TGSPGSPAGSPTS TEEGSPAGSPTST EEGTSTEPSEGSA P
LCW462_r28	GGTAGCCCAGCAGGCTCTCCGACTTCCACTGAGGAAGGT ACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCACCAGGTACC TCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACCTCT ACCGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAA AGCGCAACTCCTGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGC GCAACCCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCCCGGGTAGCGGT ACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGT GCAACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGCACCAGCTCT ACCGGTTCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCTGAGGGC AGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACCCCGGAGTCC GGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCA CCA	GSPAGSPTSTEEG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSES ATPESGPGTPGSG TASSSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGTSTEPSEG SAPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSA P
LCW462_r38	GGTAGCGAACCGGCAACCTCCGGCTCTGAAACTCCAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGCCCAGGTAGC GAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTAGCTCT ACCCCGTCTGGTGCAACCGGCTCCCCAGGTACTCCTGGT AGCGGTACCGCTTCTTCTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCG TCTGGTGCTACCGGCTCCCCAGGTGCATCTCCTGGTACC AGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGT GCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCT ACCGGTTCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCT GAAACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGC GCTCCAGGTAGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACT CCA	GSEPATSGSETPG TSESATPESGPGS EPATSGSETPGSS TPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTP SGATGSPGASPGT SSTGSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGSEPATSGS ETPGTSTEPSEGS APGSEPATSGSET P
LCW462_r39	GGTACCTCTACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGT ACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACT TCTGAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCCCT GCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCT GGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAA CCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCGGCTGGTTCT CCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCT GAGGGTAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAA GGCAGCGCTCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACT GGTTCTCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCTACTGGTACT GGTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCCACTGGTACTGGT CCA	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSP AGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSTEPSE GSAPGASPGTSST GSPGSSPSASTGT GPGSSPSASTGTG P
LCW462_r41	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGT GCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGC TCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCCCT GCTGGCTCTCCAACCTCCACCGAAGAAGGTACCTCTGAA AGCGCAACCCCTGAATCCGGCCCAGGTAGCGAACCGGCA	GSSTPSGATGSPG ASPGTSSTGSPGS STPSGATGSPGSP AGSPTSTEEGTSE SATPESGPGSEPA

[0538]

[0539]

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	ACCTCCGGTTCTGAAACCCCAGGTGCATCTCCTGGTACT AGCTCTACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGT GCAACCGGCTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCATCTACC GGTACTGGTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGT ACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCTTCTGGCACC GCACCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGCTCCGCTTCT CCA	TSGSETPGASPGT SSTGSPGSSTPSG ATGSPGSSPSAST GTGPGSTSESPSG TAPGSTSESPSGT APGTSTPESGSAS P
LCW462_r42	GGTTCTACCAGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGT TCTACTAGCGAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACT TCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACCTCT GAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACT GAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAA CCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCT TCTGAGGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACC CCGGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAA GGTAGCGCACCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACC GGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGT TCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCT CCA	GSTSESPSGTAPG STSESPSGTAPGT SPSGESSTAPGTS ESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSESAT PESGPGTSTEPSE GSAPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTG SPGSSTPSGATGS P
LCW462_r43	GGTTCTACTAGCTCTACTGCAGAATCTCCGGGCCCAGGT ACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACT TCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACT AGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGTCCAGGTTCTACCAGC TCTACTGCAGAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACTCCG GAAAGCGGTTCCGCTTCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGT GAATCTTCTACCGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACTGCT GAATCTCCTGGCCCAGGTACTTCTACCCCGGAAAGCGGC TCCGCTTCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCTGAATCT CCTGGCCCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCGTCTGGCACC GCACCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAATCTTCTACTGCA CCA	GSTSSTAESPGPG TSPSGESSTAPGT SPSGESSTAPGST SSTAESPGPGSTS STAESPGPGTSTP ESGSASPGTSPSG ESSTAPGSTSSTA ESPGPGTSTPESG SASPGSTSSTAES PGPGSTSESPSGT APGTSPSGESSTA P
LCW462_r45	GGTACCTCTACTCCGGAAAGCGGTTCCGCATCTCCAGGT TCTACCAGCGAATCCCCGTCTGGCACCGCACCAGGTTCT ACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACCTCT ACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGC GCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCT ACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCT GAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAA GGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAG TCCGGTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGC GCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCT CCC	GTSTPESGSASPG STSESPSGTAPGS TSSTAESPGPGTS TEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSESA TPESGPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSA P
LCW462_r47	GGTACCTCTACCGAACCGTCCGAGGGTAGCGCACCAGGT ACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTAGC GAACCGGCAACCTCCGGTTCTGAAACTCCAGGTACTTCT ACTGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCTGAA AGCGCAACCCCGGAATCCGGCCCAGGTACCTCTGAAAGC GCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTGCATCTCCGGGTACT AGCTCTACCGGTTCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCTTCC ACTGGTACCGGCCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCT ACTGGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACC GGTTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCTACTGGC TCCCCAGGTGCATCCCCTGGCACCAGCTCTACCGGTTCT	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGS EPATSGSETPGTS TEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSES ATPESGPGASPGT SSTGSPGSSPSAS TGTGPGSSTPSGA TGSPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATG SPGASPGTSSTGS

[0540]

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	CCA	P
LCW462_r54	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACTCCAGGT AGCGAACCTGCAACCTCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACT TCTACTGAACCTTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCGAA CCTGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAA AGCGCTACTCCTGAATCTGGCCCAGGTACTTCTACTGAA CCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTAGCTCTACTCCGTCT GGTGCTACCGGCTCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGT GCAACCGGCTCCCCAGGTGCTTCTCCGGGTACCAGCTCT ACTGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACC GGTTCCCCAGGTGCTTCTCCTGGTACTAGCTCTACCGGT TCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGCTCT CCA	GSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGSE PATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTE PSEGSAPGSSTPS GATGSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTG SPGSSTPSGATGS P
LCW462_r55	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGT ACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACTTCT GAAAGCGCTACTCCGGAGTCCGGTCCAGGTACCTCTACC GAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAA CCTTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCT CCGTCTGGCACTGCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAA TCTTCTACCGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGCGAATCT TCTACCGCTCCAGGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCT ACTGAGGAAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCT GGTCCAGGTACCTCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCT CCA	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGSTSES PSGTAPGTSPSGE SSTAPGTSPSGES STAPGSPAGSPTS TEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSA P
LCW462_r57	GGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGT AGCGAACCTGCTACTTCTGGTTCTGAAACCCCAGGTAGC CCGGCTGGCTCTCCGACCTCCACCGAGGAAGGTAGCCCG GCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAA AGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACCTCTACCGAAC CGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACCTCTACTGAACCTT CCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCG AGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCTG AATCCGGTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACCG GCTCCCCAGGTTCTAGCCCGTCTGCTTCCACTGGTACTG GCCCAGGTGCTTCCCCGGGCACCAGCTCTACTGGTTCTC CA	GTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGS PAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSESATP ESGPGSSTPSGAT GSPGSSPSASTGT GPGASPGTSSTGS P
LCW462_r61	GGTAGCGAACCGGCTACTTCCGGCTCTGAGACTCCAGGT AGCCCTGCTGGCTCTCCGACCTCTACCGAAGAAGGTACC TCTGAAAGCGCTACCCCTGAGTCTGGCCCAGGTACCTCT ACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGC GCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTACCTCTACTCCGGAA AGCGGTTCCGCATCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCG TCTGGCACCGCACCAGGTTCTACTAGCTCTACTGCTGAA TCTCCGGGCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCGGAG TCCGGTCCAGGTACCTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGC GCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAGGGTAGCGCT CCA	GSEPATSGSETPG SPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSTPE SGSASPGSTSESP SGTAPGSTSSTAE SPGPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSA P
LCW462_r64	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGT ACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCT ACCGAACCGTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTACCTCTGAA AGCGCAACTCCTGAGTCCGGTCCAGGTACTTCTGAAAGC	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSE SATPESGPGTSES

[0541]

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	GCAACCCCGGAGTCTGGCCCAGGTACTCCTGGCAGCGGT ACCGCATCTTCCTCTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGT GCAACTGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCGGGTACCAGCTCT ACCGGTTCTCCAGGTTCCACCAGCTCTACTGCTGAATCT CCTGGTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACT GCTCCAGGTACTTCTACTCCTGAAAGCGGCTCTGCTTCT CCA	ATPESGPGTPGSG TASSSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGSTSSTAES PGPGTSPSGESST APGTSTPESGSAS P
LCW462_r67	GGTAGCCCGGCAGGCTCTCCGACCTCTACTGAGGAAGGT ACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGCCCAGGTACC TCTACCGAACCGTCTGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCT GAAAGCGCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCG GCTACTTCTGGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAA CCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCCCGGCTGGTTCT CCGACTTCCACCGAGGAAGGTACCTCTACTGAACCTTCT GAGGGTAGCGCTCCAGGTACCTCTACTGAACCTTCCGAA GGCAGCGCTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAGGGC AGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCTGAAGGCAGC GCTCCAGGTACTTCTACTGAACCTTCCGAAGGTAGCGCA CCA	GSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGT STEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSTE PSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSA P
LCW462_r69	GGTACTTCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGT TCTACTAGCTCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACT TCTCCGAGCGGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCT GAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGTACCTCTACT GAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACTTCTACTGAA CCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTTCTAGCCCTTCTGCA TCTACTGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGT GCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGTACTAGCTCT ACCGGTTCTCCAGGTACTTCTACTCCGGAAAGCGGTTCC GCATCTCCAGGTACTTCTCCTAGCGGTGAATCTTCTACT GCTCCAGGTACCTCTCCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCT CCA	GTSPSGESSTAPG STSSTAESPGPGT SPSGESSTAPGTS ESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGSSPSA STGTGPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGTSTPESGS ASPGTSPSGESST APGTSPSGESSTA P
LCW462_r70	GGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAGTCTGGCCCAGGT ACCTCTACTGAACCGTCTGAGGGTAGCGCTCCAGGTACT TCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCCCT GCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTAGCCCGGCT GGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAA CCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTCTAGCCCTTCTGCT TCCACCGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGT GCTACCGGCTCCCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGTGCA ACTGGCTCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACTTCCGGCTCT GAAACCCCAGGTACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCT GGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCTGGCTCTGAAACC CCA	GTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGSSPSA STGTGPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGA TGSPGSEPATSGS ETPGTSESATPES GPGSEPATSGSET P
LCW462_r72	GGTACTTCTACCGAACCGTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGT ACCTCTACTGAACCTTCCGAGGGCAGCGCTCCAGGTACC TCTACCGAACCTTCTGAAGGTAGCGCACCAGGTAGCTCT ACCCCGTCTGGTGCTACCGGTTCCCCAGGTGCTTCTCCT GGTACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCG TCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTACTTCTGAAAGCGCA ACCCCTGAATCCGGTCCAGGTAGCGAACCGGCTACTTCT GGCTCTGAGACTCCAGGTACTTCTACCGAACCGTCCGAA GGTAGCGCACCAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACT GCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCT	GTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGT STEPSEGSAPGSS TPSGATGSPGASP GTSSTGSPGSSTP SGATGSPGTSESA TPESGPGSEPATS GSETPGTSTEPSE GSAPGSTSESPSG TAPGSTSESPSGT APGTSTPESGSAS

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	CCA	P
LCW462_r73	GGTACCTCTACTCCTGAAAGCGGTTCTGCATCTCCAGGT TCCACTAGCTCTACCGCAGAATCTCCGGGCCCAGGTTCT ACTAGCTCTACTGCTGAATCTCCTGGCCCAGGTTCTAGC CCTTCTGCATCTACTGGTACTGGCCCAGGTAGCTCTACT CCTTCTGGTGCTACCGGCTCTCCAGGTGCTTCTCCGGGT ACTAGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCGAACCGGCAACC TCCGGCTCTGAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACT CCTGAATCCGGCCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCGACT TCCACTGAGGAAGGTTCTACTAGCGAATCTCCTTCTGGC ACTGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCTCCGTCTGGCACT GCACCAGGTACCTCTACCCCTGAAAGCGGTTCCGCTTCT CCC	GTSTPESGSASPG STSSTAESPGPGS TSSTAESPGPGSS PSASTGTGPGSST PSGATGSPGASPG TSSTGSPGSEPAT SGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPT STEEGSTSESPSG TAPGSTSESPSGT APGTSTPESGSAS P
LCW462_r78	GGTAGCCCGGCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGT ACTTCTGAAAGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACC TCTACTGAACCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTTCTACC AGCGAATCTCCTTCTGGCACCGCTCCAGGTTCTACTAGC GAATCCCCGTCTGGTACCGCACCAGGTACTTCTCCTAGC GGCGAATCTTCTACCGCACCAGGTACCTCTACCGAACCT TCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTAGCCCGGCAGGTTCTCCT ACTTCCACTGAGGAAGGTACTTCTACCGAACCTTCTGAG GGTAGCGCACCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCT GAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCT GGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA CCA	GSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGT STEPSEGSAPGST SESPSGTAPGSTS ESPSGTAPGTSPS GESSTAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSE GSAPGSEPATSGS ETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSA P
LCW462_r79	GGTACCTCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGT AGCCCGGCAGGTTCTCCTACTTCCACTGAGGAAGGTACT TCTACCGAACCTTCTGAGGGTAGCGCACCAGGTACCTCC CCTAGCGGCGAATCTTCTACTGCTCCAGGTACCTCTCCT AGCGGCGAATCTTCTACCGCTCCAGGTACCTCCCCTAGC GGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACCAGCGAATCC CCTTCTGGTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCGAATCCCCT TCTGGCACCGCACCAGGTACTTCTACCCCTGAAAGCGGC TCCGCTTCTCCAGGTAGCGAACCTGCAACCTCTGGCTCT GAAACCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCTACTCCTGAATCT GGCCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCCGAGGGCAGCGCA CCA	GTSTEPSEGSAPG SPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTS PSGESSTAPGTSP SGESSTAPGTSPS GESSTAPGSTSES PSGTAPGSTSESP SGTAPGTSTPESG SASPGSEPATSGS ETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSA P
LCW462_r87	GGTAGCGAACCGGCAACCTCTGGCTCTGAAACCCCAGGT ACCTCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCTGGTCCAGGTACT TCTGAAAGCGCTACTCCGGAATCCGGTCCAGGTACTTCT CCGAGCGGTGAATCTTCTACCGCACCAGGTTCTACTAGC TCTACCGCTGAATCTCCGGGCCCAGGTACTTCTCCGAGC GGTGAATCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACTAGCGAATCC CCGTCTGGTACTGCTCCAGGTACTTCCCCTAGCGGTGAA TCTTCTACTGCTCCAGGTTCTACCAGCTCTACCGCAGAA TCTCCGGGTCCAGGTAGCTCTACTCCGTCTGGTGCAACC GGTTCCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAACCGGC TCCCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCAAACTGGCTC TCC	GSEPATSGSETPG TSESATPESGPGT SESATPESGPGTS PSGESSTAPGSTS STAESPGPGTSPS GESSTAPGSTSES PSGTAPGTSPSGE SSTAPGSTSSTAE SPGPGSSTPSGAT GSPGSSTPSGATG SPGSSTPSGANWL S
LCW462_r88	GGTAGCCCTGCTGGCTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGT AGCCCGGCTGGTTCTCCGACTTCTACTGAGGAAGGTACT TCTACCGAACCTTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTACCTCT ACTGAACCTTCCGAAGGCAGCGCTCCAGGTACCTCTACC GAACCGTCCGAGGGCAGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGC	GSPAGSPTSTEEG SPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSES

[0542]

클론	규격화된 서열	단백질 서열
	GCAACCCCTGAATCCGGTCCAGGTGCATCTCCTGGTACC AGCTCTACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACTCCTTCTGGT GCTACTGGCTCTCCAGGTGCTTCCCCGGGTACCAGCTCT ACCGGTTCTCCAGGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACT GGTTCTCCAGGTACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCC TCTCCAGGTAGCTCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCT CCA	ATPESGPGASPGT SSTGSPGSSTPSG ATGSPGASPGTSS TGSPGSSTPSGAT GSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGS P
LCW462_r89	GGTAGCTCTACCCCGTCTGGTGCTACTGGTTCTCCAGGT ACTCCGGGCAGCGGTACTGCTTCTTCCTCTCCAGGTAGC TCTACCCCTTCTGGTGCTACTGGCTCTCCAGGTAGCCCG GCTGGCTCTCCTACCTCTACTGAGGAAGGTACTTCTGAA AGCGCTACTCCTGAGTCTGGTCCAGGTACCTCTACTGAA CCGTCCGAAGGTAGCGCTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCA ACTCCTGAGTCTGGCCCAGGTAGCGAACCTGCTACCTCC GGCTCTGAGACTCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCG GAATCTGGTCCAGGTACTTCTACTGAACCGTCTGAAGGT AGCGCACCAGGTACTTCTGAAAGCGCAACCCCGGAATCC GGCCCAGGTACCTCTGAAAGCGCAACCCCGGAGTCCGGC CCA	GSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGS STPSGATGSPGSP AGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSESA TPESGPGSEPATS GSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEG SAPGTSESATPES GPGTSESATPESG P

[0543]

[0544] **실시예 7: XTEN_AM288의 작제**

[0545] 전체 라이브러리 LCW0462를 실시예 6에 기재된 바대로 이합체화하여 LCW0463이라 칭하는 XTEN_AM288 클론의 라이브러리를 생성시켰다. 실시예 6에 기재된 프로토콜을 이용하여 라이브러리 LCW0463으로부터의 1512개의 단리물을 스크리닝하였다. 176개의 고도 발현 클론을 서열분석하고, 288개의 아미노산 잔기를 갖는 다수의 XTEN 분절을 포함하는 다기능 단백질의 작제에 40개의 바람직한 XTEN_AM288 분절을 선택하였다.

[0546] **실시예 8: XTEN_AM432의 작제**

[0547] 본 발명자들은 XTEN_AM144 분절의 라이브러리 LCW0462로부터의 분절 및 XTEN_AM288 분절의 라이브러리 LCW0463로부터의 분절을 조합하여 XTEN_AM432 분절의 라이브러리를 생성하였다. XTEN_AM432 분절의 이 새로운 라이브러리를 LCW0464라 칭한다. 플라즈미드를 LCW0462 및 LCW0463을 각각 보유하는 이. 콜라이의 배양물로부터 단리하였다. 라이브러리 LCW0464로부터의 1512개의 단리물을 실시예 6에 기재된 프로토콜을 이용하여 스크리닝하였다. 176개의 고도 발현 클론을 서열분석하고, 더 긴 XTEN의 작제 및 432개의 아미노산 잔기를 갖는 다수의 XTEN 분절을 포함하는 다기능 단백질의 작제에 39개의 바람직한 XTEN_AM432 분절을 선택하였다.

[0548] 동시에, 본 발명자들은 XTEN_AM144 및 XTEN_AM288의 바람직한 분절을 사용하여 XTEN_AM432 분절의 라이브러리 LMS0100을 작제하였다. 이 라이브러리를 스크리닝하여 추가의 작제를 위해 선택된 4개의 단리물을 생성하였다.

[0549] **실시예 9: XTEN_AM875의 작제**

[0550] 스터퍼 벡터 pCW0359를 BsaI 및 KpnI로 분해시켜 스터퍼 분절을 제거하고 생성된 벡터 단편을 아가로스 겔 정제에 의해 단리하였다.

[0551] 본 발명자들은 아미노산 GASASGAPSTG(서열 번호 1654)를 코딩하고 내부에 제한 효소 AscI 인식 뉴클레오타이드 서열 GGCGCGCC를 갖는 서열분석 섬 A(SI-A)을 도입하기 위해 인산화 올리고뉴클레오타이드 BsaI-AscI-KpnIforP: AGGTGCAAGCGCAAGCGGCGCGCCAAGCACGGGAGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC(서열 번호 1652) 및 비인산화 올리고뉴클레오타이드 BsaI-AscI-KpnIrev: CCTCGAGTGAAGACGAACCTCCCGTGCTTGGCGCGCCGCTTGCGCTTGC(서열 번호 1653)를 어닐링하였다. 어닐링된 올리고뉴클레오타이드 쌍을 상기 제조된 BsaI 및 KpnI 분해된 스터퍼 벡터 pCW0359와 결찰하여 SI-A를 포함하는 pCW0466을 생성시켰다. 본 발명자들은 이후 실시예 5에 기재된 동일한 이합체화 과정을 이용하여 실시예 8로부터의 43개의 바람직한 XTEN_AM432 분절 및 C 말단에서의 pCW0466으로부터의 SI-A 분절을 재조합함으로써 XTEN_AM443 분절의 라이브러리를 생성하였다. XTEN_AM443 분절의 이 새로운 라이브러리를 LCW0479라 칭한다.

[0552] 본 발명자들은 실시예 5에 기재된 동일한 이합체화 과정을 이용하여 XTEN_AM443 분절의 라이브러리 LCW0479로부터의 분절 및 실시예 8로부터의 43개의 바람직한 XTEN_AM432 분절을 재조합함으로써 XTEN_AM875 분절의 라이브러리를 생성하였다. XTEN_AM875 분절의 이 새로운 라이브러리를 LCW0481이라 칭한다.

[0553] **실시예 10: XTEN_AM1318의 작제**

[0554] 본 발명자들은 아미노산 GPEPTGPAPSG(서열 번호 1657)를 코딩하고 내부에 제한 효소 FseI 인식 뉴클레오타이드 서열 GGCCGGCC를 갖는 서열분석 섬 B(SI-B)를 도입하기 위해 인산화 올리고뉴클레오타이드 인산화 올리고뉴클레오타이드 BsaI-FseI-KpnIforP: AGGTCCAGAACCAACGGGGCCGGCCCCAAGCGGAGGTTCGTCTTCACTCGAGGGTAC(서열 번호 1655) 및 비인산화 올리고뉴클레오타이드 BsaI-FseI-KpnIrev: CCTCGAGTGAAGACGAACCTCCGCTTGGGGCCGGCCCCGTTGGTTCTGG(서열 번호 1656)를 어닐링하였다. 어닐링된 올리고뉴클레오타이드 쌍을 실시예 9에서 사용되는 BsaI 및 KpnI 분해된 스터퍼 벡터 pCW0359와 결찰하여 SI-B를 포함하는 pCW0467을 생성시켰다. 본 발명자들은 이후 실시예 5에 기재된 동일한 이합체화 과정을 이용하여 실시예 8로부터의 43개의 바람직한 XTEN_AM432 분절 및 C 말단에서의 pCW0467로부터의 SI-B 분절을 재조합함으로써 XTEN_AM443 분절의 라이브러리를 생성하였다. XTEN_AM443 분절의 이 새로운 라이브러리를 LCW0480이라 칭한다.

[0555] 본 발명자들은 실시예 5에 기재된 동일한 이합체화 과정을 이용하여 XTEN_AM443 분절의 라이브러리 LCW0480으로부터의 분절 및 XTEN_AM875 분절의 라이브러리 LCW0481로부터의 분절을 재조합함으로써 XTEN_AM1318 분절의 라이브러리를 생성하였다. XTEN_AM1318 분절의 이 새로운 라이브러리를 LCW0487이라 칭한다.

[0556] **실시예 11: XTEN_AD864의 작제**

[0557] 몇몇 연속 라운드의 이합체화를 이용하여, 본 발명자들은 실시예 1에 기재된 XTEN_AD36의 분절로부터 시작하여 XTEN_AD864 서열의 수집물을 어셈블링하였다. 이 서열을 실시예 5에 기재된 바대로 어셈블링하였다. XTEN_AD864

로부터의 몇몇 단리물을 평가하고 생리학적 조건 하에 우수한 발현 및 훌륭한 용해도를 나타내는 것으로 밝혀졌다. XTEN_AD576의 1개의 중간 작제물을 서열분석하였다. 이 클론을 사이노몰거스 원숭이에서 PK 실험에서 평가하고 약 20시간의 반감기를 측정하였다.

[0558] **실시예 12: XTEN_AF864의 작제**

[0559] 몇몇 연속 라운드의 이합체화를 이용하여, 본 발명자들은 실시예 3에 기재된 XTEN_AF36의 분절로부터 시작하여 XTEN_AF864 서열의 수집물을 어셈블링하였다. 이 서열을 실시예 5에 기재된 바대로 어셈블링하였다. XTEN_AF864로부터의 몇몇 단리물을 평가하고 생리학적 조건 하에 우수한 발현 및 훌륭한 용해도를 나타내는 것으로 밝혀졌다. XTEN_AF540의 1개의 중간 작제물을 서열분석하였다. 이 클론을 사이노몰거스 원숭이에서 PK 실험에서 평가하고 약 20시간의 반감기를 측정하였다. XTEN_AF864의 전장 클론은 훌륭한 용해도를 갖고 사이노몰거스 원숭이에서 60시간을 초과하는 반감기를 나타냈다. 실시예 9에 기재된 서열분석 섬을 포함하는 제2 세트의 XTEN_AF 서열을 어셈블링하였다.

[0560] **실시예 13: XTEN_AG864의 작제**

[0561] 몇몇 연속 라운드의 이합체화를 이용하여, 본 발명자들은 실시예 1에 기재된 XTEN_AD36의 분절로부터 시작하여 XTEN_AG864 서열의 수집물을 어셈블링하였다. 이 서열을 실시예 5에 기재된 바대로 어셈블링하였다. XTEN_AG864로부터의 몇몇 단리물을 평가하고 생리학적 조건 하에 우수한 발현 및 훌륭한 용해도를 나타내는 것으로 밝혀졌다. XTEN_AG864의 전장 클론은 훌륭한 용해도를 갖고 사이노몰거스 원숭이에서 60시간을 초과하는 반감기를 나타냈다.

[0562] **실시예 14: 내부 및 말단 XTEN을 갖는 CFXTEN을 제조하고 평가하는 방법**

[0563] 체계적 접근법을 이용하여 FVIII 및 하나 이상의 XTEN을 포함하는 CFXTEN의 설계, 작제 및 평가를 수행하였다. XTEN 삽입 부위에 적합한 구역은 FVIII의 공지된 도메인 경계에서의 또는 이에 인접한 구역, 엑손 경계, 공지된 표면 루프, 낮은 질서도를 갖는 구역 및 친수성 구역을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 상기의 분석에 의해, FVIII B 도메인 결실(BDD) 서열의 서열에 걸친 상이한 구역은 XTEN에 대한 삽입 부위로서 확인되었고, 이의 비제한적인 예는 표 5-8에 기재되어 있고 도 8 및 도 9에 도식적으로 표시되어 있다. 초기에, 6개 내지 2004개의 아미노산 잔기 범위의 길이의 단일 XTEN 또는 XTEN 단편을 코딩하는 DNA가 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9에서 확인된 각각의 단일 삽입 부위에 상응하거나 (예를 들면, 6개의 아미노산 내에) 이 근처의 FVIII 서열에 삽입된 개별적인 작제물을 (하기 기재된 방법을 이용하여) 생성하고, 생성된 작제물을 발현시키고 회수된 단백질을 이후 예를 들면 표 49의 실험실내 검정 중 하나를 이용하여 응고촉진 활성의 보유에 대한 이의 효과를 평가하였다. 예를 들면, 하기 기재된 방법을 이용하여, XTEN 서열이 FVIII의 A1, A2, B, A3, C1 및 C2 도메인 서열 내에 삽입되고 C 말단에 연결된 작제물을 제조하고, XTEN에 연결되지 않은 FVIII과 비교하여 표 49의 발색 검정에서 생성된 발현된 융합 단백질을 평가하였다. CFXTEN 융합 단백질을 추가로 분류하여 이들이 나타내는 활성에 기초한 높은, 중간 및 낮은 카테고리에 작용한다. CFXTEN이 FVIII과 비교하여 필적하거나 적절히 감소된 활성을 나타내는 경우, 삽입 부위가 양호한 것으로 생각된다. 활성이 중간인 경우, 삽입 부위를 삽입 부위의 N 또는 C 말단에 대해 1 내지 6개의 아미노산으로부터 조정하고/하거나 XTEN의 길이 또는 순 전하를 변경할 수 있고, 활성이 개선되는지를 결정하기 위해 생성된 작제물(들)을 재평가하였다. 대안적으로, XTEN을 플랭킹 개열 자리; 바람직하게는 응고 검정에서 발견되는 프로테아제에 의해 개열되기 쉬운 자리를 갖는 작제물로 삽입하여, XTEN이 FVIII 성분의 활성화 동안 방출되어, 융합 단백질에서 XTEN 삽입 부위의 적합성에 대한 추가의 정보를 제공한다.

[0564] 모든 개별 삽입 부위가 평가되고 바람직한 삽입 부위가 확인되면, 바람직한 자리의 순열에서 삽입된 2개, 3개, 4개, 5개 이상의 XTEN을 갖는 작제물의 라이브러리를 생성하였다. XTEN의 길이 및 순 전하(예를 들면, AE 대 AG 패밀리의 XTEN)를 변화시켜 융합 단백질의 물리화학적 특성 및 FVIII 활성에 대한 이 변수의 효과를 확인하였다. 이후, 원하는 정도의 *실험실내* 응고촉진 FVIII 활성을 보유하는 CFXTEN 작제물을 하기 실시예에 기재된 A형 혈우병의 마우스 및/또는 개 모델 또는 당해 분야에 공지된 다른 모델을 사용하여 *생체내* 평가하였다. 또한, 활성을 보유하는 작제물을 결정하기 위해 FVIII 억제제 및 다른 항-FVIII 항체의 존재 하에 작제물을 평가하였다. 또한, XTEN을 방출하도록 설계된 FVIII 및 XTEN의 접합부(들)에서의 또는 이 근처의 개열 서열(예를 들면, 표 8로부터의 서열)이 편입된 CFXTEN 작제물을 제조하고, 종료 반감기에 대한 효과 및 FVIII 활성의 증대에 대해 평가하였다. 상이한 삽입 부위를 조합하고, XTEN의 길이 및 조성 품질(예를 들면, 상이한 XTEN 패밀리)을 변화시키는 작제물을 제조하는 반복 과정 및 평가에 의해, 당해 분야의 당업자는, 상기 방법에 의해, 응고촉진 FVIII 활성, FVIII 억제제와의 결합 감소, 약동학적 특성 증대, 상이한 경로에 의한 피험체에 투여되는

능력 및/또는 약제학적 특성 증대(이들로 제한되지는 않음)와 같은 원하는 특성을 갖는 CFXTEN을 얻는다.

[0565] **실시예 15: FVIII 및 AE_XTEN을 포함하는 CFXTEN을 제조하고 평가하는 방법**

[0566] CFXTEN 조성물을 제조하고 평가하는 일반적인 반응식은 도 15에 제시되어 있고, 이 실시예의 일반적인 설명에 대한 기초를 형성한다. 개시된 방법 및 당해 분야의 당업자에게 공지된 방법을 예시적인 예에서 제공된 가이드와 함께 이용하여, 당해 분야의 당업자는 XTEN 및 FVIII 또는 당해 분야에 공지된 FVIII의 변이체를 포함하는 CFXTEN 융합 단백질을 생성하고 평가할 수 있다. 따라서, 실시예는 단지 예시적이고 어떠하든 임의의 방식으로 방법을 제한하지 않는 것으로 해석되고; 다양한 변형이 당해 분야의 당업자에게 명확화다. 이 실시예에서, 모티프의 AE 패밀리의 XTEN에 연결된 VIII 인자 BDD의 CFXTEN을 생성하였다.

[0567] XTEN을 코딩하는 폴리뉴클레오타이드를 제조하는 일반적인 반응식은 도 11 및 도 12에 제시되어 있다. 도 14는 본 발명의 실시형태 중 하나에서 XTEN 폴리뉴클레오타이드 작제물의 어셈블리에서의 대표적인 단계의 도식 흐름도이다. 개별적인 올리고뉴클레오타이드(501)는 서열 모티프(502), 예컨대 12-아미노산 모티프("12합체")로 어닐링되고, 이 모티프는 라이브러리로부터의 추가의 서열 모티프에 결찰되어 다합체화되어 원하는 길이의 XTEN(504)을 포함하는 풀을 생성하고, BbsI 및 KpnI 제한 자리(503)를 포함하는 더 작은 농도의 올리고에 결찰된다. 모티프 라이브러리는 표 3의 AD, AE, AF, AG, AM 또는 AQ 서열과 같은 특이적 서열 XTEN 패밀리를 포함한다. 도 14에 예시된 것처럼, XTEN 길이는 이 경우 36개의 아미노산 잔기이지만, 더 긴 길이가 또한 이 일반적인 과정에 의해 성취된다. 예를 들면, 결찰, 오버랩 연장, PCR 어셈블리 또는 당해 분야에 공지된 유사한 클로닝 기법에 의해 다합체화를 수행하여, 이 경우 288개의 아미노산 잔기를 갖는 작제물을 생성시킨다. 결찰 생성물의 생성된 풀은 겔 정제되고, 원하는 길이의 XTEN을 갖는 밴드가 절단되어, 중지 서열(505)을 갖는 단리된 XTEN 유전자를 생성시킨다. XTEN 유전자는 스투퍼 벡터로 클로닝된다. 이 경우, 벡터는 임의의 CBD 서열(506) 및 GFP 유전자(508)를 코딩한다. 이후, 분해를 BbsI/HindIII로 수행하여 507 및 508을 제거하고 중지 코돈을 위치시킨다. 이후, 생성된 생성물은 FVIII을 코딩하는 유전자를 포함하는 BsaI/HindIII 분해된 벡터로 클로닝되어, VIII 인자의 C 말단에 연결된 288개의 아미노산 XTEN을 갖는 CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는 유전자(500)를 생성시킨다. 당해 분야의 당업자에게 명확한 것처럼, 상기 방법은 다양한 XTEN 길이를 갖는 대안적인 구성으로 또는 다수의 위치에서 작제물을 생성하도록 적용된다.

[0568] FVIII을 코딩하는 DNA 서열을 게놈 라이브러리로부터 적절한 세포 소스로부터 제조된 cDNA 라이브러리로부터 당해 분야에 공지된 표준 절차에 의해 편리하게 얻거나, 공중에게 이용 가능한 데이터베이스, 특허 또는 참조 문헌으로부터 얻은 DNA 서열을 사용하여 합성으로(예를 들면, 자동화 핵산 합성) 생성할 수 있다. 본 실시예에서, FVIII B 도메인 결실(BDD) 변이체를 실시예 17에 기재된 바대로 제조한다. 이후, 단백질의 FVIII 부분 또는 이의 보체를 코딩하는 유전자 또는 폴리뉴클레오타이드를 작제물, 예컨대 본 명세서에 기재된 것(생물학적 시스템에서 높은 수준 단백질 발현을 위해 적절한 전사 및 번역 서열의 제어 하에 플라즈미드 또는 다른 벡터일 수 있음)으로 클로닝하였다. XTEN 부분 또는 이의 보체를 코딩하는 제2 유전자 또는 폴리뉴클레오타이드는 FVIII 유전자의 말단을 코딩하는 뉴클레오타이드에 유전적으로 융합된다(이를 결찰 또는 다합체화 단계를 통해 CF를 코딩하는 유전자와 인접하고 이와 프레임에 있는 작제물로 클로닝함으로써). 이러한 방식으로, CFXTEN 융합 단백질을 코딩하는(또는 이에 상보성인) 키메라 DNA 분자를 작제물 내에 생성하였다. 임의로, 제2 XTEN을 코딩하는 유전자를 삽입하고 FVIII 코딩 구역을 코딩하는 뉴클레오타이드의 내부에 인프레임 결찰하였다. 표 5, 표 6, 표 7, 표 8 및 표 9의 서열 또는 도 8 내지 도 9에 예시된 서열을 포함하는 FVIII 서열에서 XTEN의 다양한 삽입 부위를 코딩하는 상이한 구성으로 작제물을 설계하였다. 임의로, 이 키메라 DNA 분자를 더 적절한 발현 벡터; 예를 들면, 포유동물 숙주 세포, 예컨대 CHO, BHK 등에 적절한 벡터인 다른 작제물로 전달하거나 클로닝하였다. 이때, 키메라 DNA 분자를 발현할 수 있는 숙주 세포를 상기 기재된 세포 숙주의 유형에 따라 하기 더 완전히 기재된 키메라 DNA 분자로 또는 널리 공지된 방법에 의해 형질전환하였다.

[0569] XTEN-FVIII 발현 벡터를 포함하는 숙주 세포를 프로모터를 활성화하도록 적절히 변형된 종래의 영양소 배지 중에 배양하였다. 배양 조건, 예컨대 온도, pH 등은 발현에 선택된 숙주 세포와 이전에 이용된 것이고, 당해 분야의 당업자에게 명확하다. 융합 단백질의 발현 후, 배양 브로쓰(broth)를 수확하고 세포 덩어리로부터 분리하고, 생성된 미정제 추출물은 융합 단백질의 정제에 보유되었다.

[0570] 유전자 발현을, 예를 들면 mRNA의 전사를 정량화하기 위해[Thomas, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77:5201-5205 (1980)] 종래의 사우던 블로팅, 노던 블로팅, 도트 블로팅(DNA 분석) 또는 본 명세서에 제공된 서열에 기초한 적절히 라벨링된 프로브를 사용한 인시츄 하이브리드화에 의해 직접 샘플 중에 측정하였다. 대안적으로, 유전자 발현을 면역학적 형광 방법, 예컨대 세포의 면역조직화학 염색에 의해 측정하여, 유전자 생성물의 발현을 직접

정량화하였다. 면역조직화학 염색 및/또는 샘플 유체의 검정에 유용한 항체는 단일후보 또는 다중클론일 수 있고, 임의의 포유동물에서 제조될 수 있다. 편리하게는, 본 명세서에 제공된 서열에 기초한 합성 펩타이드를 사용하여 FVIII 서열 폴리펩타이드에 대해 또는 FVIII에 융합되고 특이적 항체 에피토프를 코딩하는 외인성 서열에 대해 항체를 제조할 수 있다. 선택 가능한 마커의 예는 당해 분야의 당업자에게 널리 공지되어 있고, 증대된 녹색 형광 단백질(EGFP), 베타-갈락토시다제(β-gal) 또는 클로르암페니콜 아세틸트랜스퍼라제(CAT)와 같은 리포터를 포함한다.

[0571] CFXTEN 폴리펩타이드 생성물을 당해 분야에 공지된 방법을 통해 정제하였다. 겔 여과, 친화도 정제, 염 분별화, 이온 교환 크로마토그래피, 크기 배제 크로마토그래피, 수산화인회석 흡착 크로마토그래피, 소수성 상호작용 크로마토그래피 또는 겔 전기영동과 같은 절차는 정제에서 사용되는 모든 기법이다. 특정 정제 방법은 문헌[Robert K. Scopes, Protein Purification: Principles and Practice, Charles R. Castor, ed., Springer-Verlag 1994] 및 상기 샘브룩 등의 문헌에 기재되어 있다. 다단계 정제 분리는 또한 문헌[Baron, *et al.*, Crit. Rev. Biotechnol. 10:179-90 (1990) 및 Below, *et al.*, J. Chromatogr. A. 679:67-83 (1994)]에 기재되어 있다.

[0572] 도 15에 예시된 것처럼, 단리된 CFXTEN 융합 단백질을 이의 화학 및 활성 특성에 대해 규명하였다. 단리된 융합 단백질을 예를 들면 당해 분야에 공지된 표준 방법을 이용하여 서열, 순도, 겉보기 분자량, 용해도 및 안정성에 대해 규명하였다. 예상된 기준을 만족시키는 융합 단백질을 활성에 대해 평가하고, 이는 본 명세서에 개시된 하나 이상의 검정을 이용하여 또는 실시예 또는 표 49의 검정을 이용하여 본 명세서에 기재된 VIII 인자 관련 매개변수 중 하나를 측정함으로써 실험실내 또는 생체내 측정될 수 있다.

[0573] 또한, CFXTEN FVIII 융합 단백질을 하나 이상의 동물 종에게 투여하여 실시예 25 및 실시예 26에 기재된 표준 약동학적 매개변수 및 약물학적 특성을 결정하였다.

[0574] CFXTEN 작제물을 제조하고 발현시키고 회수하는 반복 과정과 이후의 본 명세서에 개시된 방법 또는 당해 분야에 공지된 다른 방법을 이용한 이의 규명에 의해, CF 및 XTEN을 포함하는 CFXTEN 조성물을 제조하고 평가하여 상응하는 비융합 FVIII과 비교하여 전체 치료학적 활성 증대를 발생시키는 용해도 증대, 안정성 증대, 약동학 개선 및 면역원성 감소와 같은 예상된 특성을 확인하였다. 원하는 특성을 갖지 않는 융합 단백질의 경우, 상이한 서열 또는 구성을 작제하고, 발현시키고, 단리시키고, 이 방법에 의해 평가하여 이러한 특성을 갖는 조성물을 얻었다.

[0575] **실시예 16: BDD FVIII을 위한 발현 플라즈미드의 작제**

[0576] I. B 도메인 결실 FVIII(BDD FVIII) 발현 벡터의 작제

[0577] BDD FVIII 개방형 판독 프레임을 폴리A를 포함하는 pcDNA4 벡터(인비트로겐(미국 캘리포니아주 소재))로 클로닝하여 FVIII 유전자의 최적 포유동물 발현을 허용하여, pBC0100이라 칭하는 작제물을 생성시킴으로써 BDD FVIII을 코딩하는 발현 벡터를 생성하였다. BsiWI 48, AflII 381, PshAI 1098, KpnI 1873, BamHI 1931, PflMI 3094, ApaI 3574, XbaI 4325, NotI 4437, XhoI 4444, BstEII 4449, AgeI 4500, PmeI 4527을 포함하는 클로닝 사용을 위해 이 작제물 내에 몇몇 천연 자리를 확인하였다. 검정 개발을 수월하게 하기 위해, Myc 및 His 태그를 코딩하는 뉴클레오타이드를 FVIII 개방형 판독 프레임에 도입하였다. pBC0100을 1) F8-BsiWI-F: tattccCGTACGgccgccaccATGCAAATAGAGCTCTCCACCT(서열 번호 1658); 2) F8-논스톱-XhoI-R1: GGTGACCTCGAGcgtagaggtcctgtgcctcg(서열 번호 1659)의 프라이머를 사용하여 PCR 증폭시켜 적절한 위치에서 BsiWI 및 XhoI을 도입하였다. PCR 생성물을 BsiWI 및 XhoI로 분해시켰다. PcDNA4-Myc-His/C를 Acc65I 및 XhoI로 분해시켜, 5003 및 68bp의 2개의 생성물을 생성하였다. 5003bp 생성물을 분해된 PCR된 FVIII 단편과 결찰하고 DH5알파 형질전환에 사용하였다. 효소 Acc65I 및 BsiWI는 상용성 말단을 생성하지만 이 결찰은 추가의 분해에 대한 자리를 파괴한다. 생성된 작제물을 pBC0102(pcDNA4-FVIII_3-Myc-His)라 칭한다. 추가의 클로닝 전략, 특히 다수의 XTEN 삽입을 포함하는 BDD FVIII 발현 작제물의 생성을 수반하는 것의 설계 및 실행을 수월하게 하기 위해, 본 발명자들은, BsiWI 908, NheI 1829 및 ClaI 3281을 포함하는, 편입시키고자 하는 추가의 독특한 제한 효소 자리를 선택하였다. 개별적으로 퀵체인지(QuikChange) 방법(애질런트(Agilent)(미국 캘리포니아주 소재))을 통해 이 자리의 도입을 수행하였다. 생성된 작제물을 pBC0112(pcDNA4-FVIII_4-Myc-His)라 칭한다. Myc/His와 FVIII/Myc 사이를 연결하는 링커 펩타이드로부터 생길 수 있는 문제점을 피하고 추가의 XTEN 삽입에 바람직한 제한 효소 자리를 제거하기 위해, 본 발명자들은 퀵체인지 방법을 통해 (FVIII과 Myc 사이의) ARGHPF (서열 번호 1660) 내지 GAGSPGAETA(서열 번호 178), (Myc와 His 사이의) NMHTG(서열 번호 1661) 내지 SPATG(서열 번호 1662)의 펩타이드 서열을 코딩하는 서열을 돌연변이시켰다. 작제물을 pBC0114(pcDNA4-FVIII_4-

GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')(표 21의 서열)라 칭하고, 이를 XTEN 서열을 편입시키는 다른 발현 벡터의 설계 및 생성을 위해 기본 벡터로서 사용하였다. 이 작제물의 발현 및 FVIII 활성 데이터가 제시되어 있다.

[0578] II. B 도메인 결실 FVIII(BDD FVIII) 발현 벡터의 작제

[0579] BDD FVIII을 코딩하는 유전자를 클로닝 벡터 pMK(pMK-BDD FVIII)에서 진아츠(진아트s)(독일 레겐스부르크)에 의해 합성하였다. BDD FVIII 단백질은 167539.66의 전체 분자량으로 1457개의 아미노산을 포함한다. 야생형 FVIII 단백질 내에 A1, A2, B, A3, C1 및 C2 도메인의 6개의 도메인이 존재한다. BDD FVIII 단백질에서, 대부분의 B 도메인은 비구조화 도메인인 것으로 보이는 것처럼 결실되고, 도메인의 제거는 이 단백질의 중요한 기능을 변경하지 않는다. 진아츠에 의해 사용되는 pMK 벡터는 프로모터를 포함하지 않고 발현 벡터로서 사용될 수 없다. 5' 말단에서의 제한 효소 자리 NheI 및 3' 말단에서의 SfiI, SalI 및 XhoI를 도입하여 발현 벡터, 예컨대 CET1019-HS(밀리포어(Millipore))로의 BDD FVIII을 코딩하는 DNA 서열의 서브클로닝을 수월하게 한다. 몇몇 독특한 제한 효소 자리를 또한 FVIII 서열로 도입하여 DNA 서열의 추가의 조작(예를 들면, 삽입, 돌연변이유발)을 허용한다. 이 절단 자리를 갖는 기재된 독특한 자리는 SacI 391, AfiII 700, SpeI 966, PshAI 1417, Acc65I 2192, KpnI 2192, BamHI 2250, HindIII 2658, PfoI 2960, PflMI 3413, ApaI 3893, Bsp1201 3893, SwaI 4265, OliI 4626, XbaI 4644 및 BstBI 4673을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. HindIII 자리는 A2 도메인의 바로 말단에 있고, 가능하게는 B 도메인의 변형에 사용될 수 있다. 진아츠로부터의 합성된 pMK-BDD FVIII은 중지 코돈을 포함하지 않는다. 5'-GTGAACTCTCTAGACCCACCG-3'(서열 번호 1663); 5'-CTCCTCGAGGTCGACTCAGTAGAGGTCCTGTGCCTCG-3'(서열 번호 1664)의 프라이머를 사용하여 FVIII의 127bp 단편을 증폭함으로써 중지 코돈을 도입하였다. 단편을 XbaI 및 SalI로 분해시키고 XbaI/SalI 분해된 pMK-BDD FVIII에 결찰하였다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환하였다. 형질전환체를 DNA 미니프레프(miniprep)에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인하였다. pBC0027(pMK-BDD FVIII-스탑)이라 칭하는 작제물은 BDD FVIII 단백질을 코딩하는 코딩 서열을 포함한다. 이후, pBC0027 작제물을 NheI/SalI로 분해시키고 NheI/SalI 분해된 CET1019-HS 벡터(밀리포어)에 결찰하였다. CET1019-HS 벡터는 인간 CMV 프로모터 및 UCOE 서열을 포함하여 유전자 발현을 수월하게 한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환하였다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인하였다. 최종 작제물을 pBC0025(CET1019-HS-BDD FVIII-스탑)라 칭하고, 이는 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 BDD FVIII 단백질을 코딩한다. 포유동물 세포로의 pBC0025 작제물의 도입은 응고촉진 활성을 갖는 BDD FVIII 단백질의 발현을 허용하는 것으로 예상된다.

[0580] **실시예 17: XTEN을 포함하는 BDD FVIII에 대한 발현 플라즈미드의 작제**

[0581] 1. B 도메인 AE42 삽입

[0582] 2개의 PCR 반응을 동시에 실행하여 BDD FVIII 작제물의 남은 B 도메인 구역으로 XTEN_AE42를 삽입하였다. PCR 반응은 하기 프라이머를 포함한다:

[0583] cgaaagcgctacgcctgagaGTGGCCCTGGCTCTGAGCCAGCCACCTCCGGCTCTGAAACCCCTGCCTCGAGCccaccagtcttgaaacgcc(서열 번호 1665);

[0584] TGATATGGTATCATCATAATCGATTTCCTCTTGATCTGACTG(서열 번호 1666);

[0585] agcttgaggatccagagttc(서열 번호 1667);

[0586] tctcaggcgtagcgctttcgCTTGTCCCCTCTTCTGTTGAGGTGGGGGAGCCAGCAGGAGAACCTGGCGCGCCgttttgagagaagcttcttggt(서열 번호 1668). 이후, PCR 생성물은 주형으로서 작용하고, 제2 PCR을 수행하여 BamHI 및 ClaI에 의해 플랭킹된 FVIII 코딩 뉴클레오타이드 서열로 XTEN_AE42를 도입하였다. 이 PCR 생성물을 동일한 2개의 효소로 PBC0114의 삽입과 동시에 BamHI 및 ClaI로 분해시켰다. PCR 생성물을 분해된 벡터에 결찰하였다. 이 작제물을 pBC0135(pcDNA4-FVIII_4XTEN_AE42-GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His)(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')라 칭하고, AE42 XTEN이 잔여 B 도메인 내에 편입된 BDD FVIII을 코딩한다.

[0587] 2. AE42 삽입 및 R1648A 돌연변이

[0588] 퀵체인지 방법(애질런트(미국 캘리포니아주))을 이용하여 PBC0135로 R1648A 돌연변이를 도입하였다. 이 작제물을 pBC0149(pcDNA4-FVIII_4XTEN_AE42-GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His_R1648A)(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')라 칭하고, 이 FVIII 프로세싱 자리를 제거하였다.

[0589] 3. B 도메인 AE288 삽입

[0590] 하기 프라이머를 사용하여 XTEN_AE288을 PCR 증폭하였다:

[0591] tctcaaaacGGCGCGCCAggtacctcagagtctgctacc(서열 번호 1669) 및

[0592] tggtggGCTCGAGGCtggcgcactgccttc(서열 번호 1670). PBC0075를 이 PCR 반응에 주형으로서 사용하였다. PCR 생성물을 AscI 및 XhoI로 분해시키고 PBC0135를 동일한 효소로 분해시켰다. PCR 생성물을 PBC0135 단편에 결찰하였다. 이 작제물은 pBC0136(pcDNA4-FVIII_4XTEN_AE288-GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His)(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')이라 칭하고, AE288 XTEN이 잔여 B 도메인 내에 편입된 BDD FVIII을 코딩한다.

[0593] 4. AE288 삽입 및 R1648A 돌연변이

[0594] 하기 프라이머를 사용하여 XTEN_AE288을 PCR 증폭하였다:

[0595] tctcaaaacGGCGCGCCAggtacctcagagtctgctacc(서열 번호 1671) 및

[0596] tggtggGCTCGAGGCtggcgcactgccttc(서열 번호 1672). 작제물 pBC0075를 이 PCR 반응에 주형으로서 사용하였다. PCR 생성물을 AscI 및 XhoI로 분해시키고 pBC0149를 동일한 효소로 분해시켰다. PCR 생성물을 pBC0149 단편에 결찰하였다. 이 작제물은 pBC0137(pcDNA4-FVIII_4XTEN_AE288-GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His R1648A)(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')이라 칭하고, B 도메인의 내부에 AE288 XTEN 서열을 포함하고, R1648A 돌연변이는 이 FVIII 프로세싱 자리를 제거한다.

[0597] 3. R1648A 돌연변이를 갖거나 갖지 않는 B 도메인 AE144, AG144, AG288 삽입

[0598] 선택 XTEN 단편을 PCR 증폭하여 AscI 및 XhoI 자리를 각각 5' 및 3' 말단에 도입하였다. PCR 생성물을 AscI 및 XhoI로 분해시키고, (R1648의 경우) pBC0135 또는 (A1648의 경우) pBC0149를 동일한 효소로 분해시켰다. PCR 생성물을 pBC0135 또는 pBC0149 벡터에 결찰하였다. 이 작제물을 pSD0005, 6, 7, 8, 17 및 18이라 칭한다.

[0599] C 말단에서의 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII에 대한 발현 플라즈미드의 작제

[0600] 1. C 말단 AE288 삽입

[0601] 하기 프라이머를 사용하여 XTEN_AE288을 PCR 증폭하였다:

[0602] ggggccgaaacggccggtacctcagagtctgctacc(서열 번호 1673) 및 tgttcggccgtttcggcccctggcgcactgccttc(서열 번호 1674). 작제물 pBC0075를 이 PCR 반응에 주형으로서 사용하였다. PCR 생성물을 SfiI로 분해시키고, pBC0114를 동일한 효소로 분해시켰다. PCR 생성물을 분해된 pBC0114 단편에 결찰하였다. 이 작제물은 pBC0145(pcDNA4-FVIII_4-XTEN_AE288-GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His)(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')라 칭하고, BDD FVIII의 C 말단에서 AE288 서열을 코딩한다.

[0603] 2. C 말단 AG288 삽입

[0604] DNA2.0(멘로 파크(Menlo Park)(미국 캘리포니아주 소재))에 의해 XTEN_AG288을 설계하고 합성하였다. 하기 프라이머를 사용하여 합성된 유전자를 PCR 증폭하였다: ggggccgaaacggccccgggagcgtcacc(서열 번호 1675) 및 tgttcggccgtttcggcccctgacccggttgcccc(서열 번호 1676). PCR 생성물을 SfiI로 분해시키고, pBC0114 기반 벡터를 동일한 효소로 분해시켰다. PCR 생성물을 분해된 pBC0114 단편에 결찰하였다. 이 작제물은 pBC0146(pcDNA4-FVIII_4-XTEN_AG288-GAGSPGAETA-Myc-SPATG-His)(각각 서열 번호 178 및 서열 번호 1662로 개시된 'GAGSPGAETA' 및 'SPATG')이라 칭하고, BDD FVIII의 C 말단에서 AG288 서열을 코딩한다.

[0605] 3. C 말단 AE/AG144, 288, 864 삽입

[0606] 하기 프라이머를 사용하여 퀵체인지 방법을 통해 pBC0114 기반 벡터에 AscI 및 XhoI 자리를 도입하였다: 5037-PBC0114-AscI-XhoI-F: CAGGACCTCTACGGCGCgccagcctcgaGCGAACAAAAACTCATCTCAGAAGAGG(서열 번호 1677); 5038-PBC0114-AscI-XhoI-R: CCTCTTCTGAGATGAGTTTTTGTTCGCtcgaggctggcGCGCCGTAGAGGTCCTG(서열 번호 1678). 다양한 XTEN 단편을 각각 5' 및 3' 말단으로 도입된 AscI 및 XhoI로 PCR 증폭하였다. PCR 생성물을 분해된 pBC0114 벡터에 결찰하였다. 이 작제물을 pSD0013, pSD0014, pSD0015, pSD0016, pSD0019 및 pSD0020이라 칭한다.

[0607] 도메인간 및 도메인내 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII에 대한 발현 플라즈미드의 작제

[0608] 1. AE7, AE42 및 AE144 삽입

[0609] BDD FVIII 코딩 서열 내에 지정된 자리(예를 들면, 천연 또는 도입된 제한 자리 BsiWI 48, AflII 381, PshAI 1098, KpnI 1873, BamHI 1931, PflMI 3094, ApaI 3574, XbaI 4325, NotI 4437, XhoI 4444, BstEII 4449, AgeI 4500, PmeI 4527, BsiWI 908, NheI 1829 및 ClaI 3281)로의 AE42의 삽입에 4개의 명확한 전략을 이용하고, 이 자리는 각각 몇몇 작제물의 생성에 기여한다. 설계에 의해, AE42의 이 삽입은 삽입의 어느 한 측에 플랭킹된 AscI 및 XhoI 자리를 생성하여 더 긴 XTEN, 및 상이한 서열 또는 필요한 바대로 편입된 개열 서열을 갖는 XTEN의 도입/치환을 허용한다. 구체적으로, XTEN_144 삽입을 포함하는 작제물은 표 21에 기재되어 있다. AE7 또는 AE42를 AscI 및 XhoI 자리에 플랭킹된 PCR된 XTEN_144 단편으로 대체하여 이 삽입을 생성하였다.

[0610] 2. 이중 PCR-매개 방법

[0611] 2개의 PCR 반응을 동시에 실행하여 XTEN_AE42를 지정된 자리에 삽입하였다. 2개의 PCR 반응은 부분 XTEN을 포함하는 긴 프라이머의 사용을 통해 3' 또는 5' 말단에서 XTEN을 도입한다. 이후, PCR 생성물은 주형으로서 작용하고, 제2 PCR을 수행하여 선택 제한 효소 자리에 의해 플랭킹된 FVIII 코딩 뉴클레오타이드 서열로 XTEN_AE42를 도입하였다. 이 PCR 생성물을 동일한 2개의 효소로 PBC0114의 삽입과 동시에 적절한 효소로 분해시켰다. PCR 생성물을 분해된 벡터에 결찰하였다. 이 방법을 이용하여, pBC0126, pBC0127, pBC0128 및 pBC0129라 칭하는 작제물을 생성하여, 각각 R3, R3, P130, L216 위치에서 AE42 삽입을 발생시켰다. 이 서열이 표 21에 기재되어 있다. 이후, 선택 XTEN_144 서열을 PCR하여 단편의 말단 중 어느 하나에서 AscI 및 XhoI 자리를 도입하여 분해된 FVIII-XTEN_AE42 작제물에 결찰하였다. 예를 들어, pBC0129의 AE42를 XTEN_AE144로 대체하여 pSD0053을 생성하였다. 다른 XTEN_144 작제물은 동일한 전략을 통해 생성되고 표 21에 기재되어 있다.

[0612] 3. 퀵체인지 중재 2단계 클로닝 방법

[0613] 퀵체인지 방법을 이용하여 AscI 및 XhoI에 의해 지정된 자리로 플랭킹된 XTEN_AE7 코딩 서열을 도입하였다. 이후, 생성된 중간 작제물을 AscI 및 XhoI로 분해시켰다. XTEN_AE42 또는 XTEN_AE144를 PCR 증폭하여 2개의 자리를 도입하고 따라서 분해시켰다. 이후, 벡터 및 삽입체를 결찰하여 최종 작제물을 생성하였다. 서열은 표 21에 기재되어 있다.

[0614] 4. 3가지 PCR II형 제한 효소 중재 결찰 방법

[0615] 3가지 PCR 반응을 수행하여 FVIII_4 유전자 내의 독특한 자리와 상관되는 1개의 I형 제한 효소 및 1개의 II형 효소(예를 들면, BsaI, BbsI, BfuAI)에 의해 플랭킹된 단편을 코딩하는 FVIII의 2개의 시편을 생성하고, 제3 PCR 반응은 2개의 II형 제한 효소 자리에 의해 플랭킹된 XTEN_AE42를 생성하였다. 3개의 PCR 단편을 적절한 효소로 분해시키고, FVIII 코딩 서열의 단편 내에 XTEN_AE42 삽입을 포함하는 1개의 선형 시편에 결찰하였다. 이후, 이 생성물을 FVIII 코딩 서열 내의 적절한 독특한 효소로 분해시키고, 동일한 효소로 분해된 pBC0114 작제물에 결찰하고, (P333 잔기에서 XTEN 삽입을 갖는) pBC0130, (D403 잔기에서 XTEN 삽입을 갖는) pBC0132, (R490 잔기에서 XTEN 삽입을 갖는) pBC0133이라 칭하는 작제물을 생성하였다. 서열은 표 21에 기재되어 있다. 이후, 선택 XTEN_144 서열을 PCR하여 단편의 말단 중 어느 하나에서 AscI 및 XhoI 자리를 도입하고 분해된 FVIII-XTEN_AE42 작제물에 결찰할 수 있다. 예를 들어, pBC0132의 AE42를 각각 XTEN_AE144 및 XTEN_AG144로 대체하여 pSD0001 및 pSD0003을 생성하였다. 동일한 전략을 통해 표 21에 기재된 다른 XTEN_144 작제물을 생성하였다.

[0616] 5. 커스텀 유전자 합성

[0617] 진아트(GeneArt)(독일 레겐스부르크)에 의해 커스텀 유전자 합성을 수행하였다. 유전자가 지정된 자리(들)에서 삽입된 XTEN_AE42를 코딩하는 뉴클레오타이드를 포함하도록 설계하고 유전자를 FVIII_4 유전자 내에 선택된 2개의 독특한 제한 효소 자리에 의해 플랭킹하였다. 합성된 유전자 및 pBC0114를 적절한 효소로 분해시키고 결찰하여 제한 자리 사이에 XTEN_AE42를 편입시키는 BDD FVIII을 갖는 최종 생성물을 생성시켰다. 이후, 선택 XTEN_144 서열을 PCR하여 단편의 말단 중 어느 하나에서 AscI 및 XhoI 자리를 도입하고 분해된 FVIII-XTEN_AE42 작제물에 결찰할 수 있다.

[0618] B 도메인에서 및 C 말단에서 이중 XTEN 삽입을 갖는 발현 플라즈미드의 작제

[0619] 잔여 B 도메인 내에 편입된 AE288 XTEN을 갖는 BDD FVIII을 코딩하는 작제물 pBC0136을 BamHI 및 ClaI로 분해시키고 이 분해로부터의 생성된 1372bp 단편은 삽입체이다. 작제물 pBC0146을 BamHI 및 ClaI로 분해시키고, 이 분해로부터의 9791bp 시편은 벡터이다. 벡터 및 삽입체를 함께 결찰하여 B 도메인 내에 AE288 삽입 및 C 말단에

서 AG288을 포함하는 pBC0209를 생성하였다. 동일한 전략을 이용하여 벡터로서 PBC0145를 사용하여 각각 B 도메인에서 및 C 말단에서 2개의 AE288 삽입을 포함하는 작제물을 생성하였다.

[0620] 다수의 XTEN 삽입을 갖는 발현 플라즈미드의 작제

[0621] FVIII의 R3 위치에서 AE42 XTEN을 코딩하는 작제물 pBC0127을 BsiWI 및 AflII로 분해시키고, 이 분해로부터의 생성된 468bp 단편은 삽입체이다. 작제물 pBC0209를 BsiWI 및 AflII로 분해시키고, 이 분해로부터의 10830bp 시편은 벡터이다. 벡터 및 삽칩체를 함께 결찰하여 A1 도메인에서의 AE42 삽입, 신호 개열 서열을 복구하기 위한 추가의 3개의 ATR 아미노산, B 도메인 내의 AE288 XTEN 삽입 및 C 말단에서의 AG288을 포함하는 pBC0210이라 칭하는 작제물을 생성하였다. 동일한 방법론을 이용하여 천연 및 도입된 제한 자리; 예를 들면, BsiWI 48, AflII 381, PshAI 1098, KpnI 1873, BamHI 1931, PflMI 3094, ApaI 3574, XbaI 4325, NotI 4437, XhoI 4444, BstEII 4449, AgeI 4500, PmeI 4527, BsiWI 908, NheI 1829 및 ClaI 3281에서 다수의 XTEN을 코딩하는 작제물을 생성하였다.

[0622] BDD FVIII-내부-XTEN_AE288 발현 벡터의 작제

[0623] 2개의 BsaI 제한 효소 자리를 제조업자의 프로토콜(애질런트 테크놀로지스(미국 캘리포니아주))에 따라 퀵체인지 방법을 이용하여 2673 및 2674 염기 쌍 사이에 PBC0027 pMK-BDD FVIII 작제물로 도입하였다. 삽입된 DNA 서열은 gggtctcccgcgccagggtctccc이고, 생성된 작제물은 pBC0205(표 21에서의 서열)라 칭하다. 이후, AE288(또는 다른 변이체 및 XTEN의 길이; 예를 들면 AE42, AG42, AG288, AM288)을 코딩하는 DNA 서열을 5' 및 3' 둘 다에서 BsaI 자리를 도입하는 프라이머로 PCR하였다. 이후, pBC0205 벡터 및 삽입체(XTEN_288)를 BsaI로 분해시키고 결찰하여 B 도메인(표 21에서의 서열) 내의 XTEN_AE288 삽입을 갖는 FVIII 유전자를 코딩하는 pBC0206을 생성하였다. 이후, pBC0206 작제물을 NheI/SalI로 분해시키고 NheI/SalI 분해된 CET1019-HS 벡터(밀리포어)와 결찰하였다. CET1019-HS 벡터는 인간 CMV 프로모터 및 UCOE 서열을 포함하여 유전자 발현을 수월하게 한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환하였다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인하였다. 최종 작제물을 인간 CMV 프로모터(표 21에서의 서열)의 제어 하에 BDD FVIII 단백질을 코딩하는 pBC0207(CET1019-HS-BDD FVIII-스탑)이라 칭한다. 포유동물 세포로의 pBC0207 작제물의 도입은 내부 XTEN_AE288 내에 BDD FVIII 단백질의 발현을 허용하는 것으로 예상된다. 동일한 프로토콜을 이용하여 XTEN의 다른 변이체 및 길이; 예를 들면 AE42, AG42, AG288, AM288, AE864, AG864 또는 표 4의 다른 XTEN을 포함하는 작제물을 도입하고, 형질전환하고, 발현시킨다.

[0624] BDD FVIII-/-XTEN_AE864 발현 벡터의 작제

[0625] 5' 및 3' 말단을 플랭킹하는 NheI 및 SfiI를 갖는 BDD FVIII 단편은 pBC0025 작제물을 분해함으로써 생성된다. 이후, 이 분해된 단편을 FVIII을 코딩하는 NheI/SfiI 분해된 pSecTag 벡터(pBC0048 pSecTag-FVIII-/-XTEN_AE864), 이어서 XTEN_AE864 서열에 결찰하였다. DH5a 박테리아 세포를 형질전환시키도록 결찰된 DNA 혼합물을 사용하였다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인하였다. 최종 작제물은 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 BDD FVIII-/-XTEN_AE864 단백질을 코딩하는 pBC0060이다. 포유동물 세포로의 pBC0060 작제물의 도입은 응고촉진 활성을 갖는 C 말단 XTEN 융합(BDD FVIII-/-XTEN_AE864)을 갖는 FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상된다.

[0626] BDD FVIII-/FXI/-XTEN_AE864 발현 벡터의 작제

[0627] 5' 및 3' 말단을 플랭킹하는 NheI 및 SfiI를 갖는 BDD FVIII 단편은 pBC0025 작제물을 분해함으로써 생성된다. 이후, 이 분해된 단편을 FVIII을 코딩하는 NheI/SfiI 분해된 pSecTag 벡터(pBC0047 pSecTag-FVIII-/FXI/-XTEN_AE864), 이어서 FXI 개열 서열(/FXI/) 및 XTEN_AE864에 결찰하였다. DH5a 박테리아 세포를 형질전환시키도록 결찰된 DNA 혼합물을 사용하였다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인하였다. 최종 작제물은 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 BDD FVIII-/FXI/-XTEN_AE864 단백질을 코딩하는 pBC0051이다. 포유동물 세포로의 pBC0051 작제물의 도입은 C 말단 XTEN 융합(BDD FVIII-/FXI/-XTEN_AE864)을 갖는 FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상되고, 이는 후속하여 FXI에 의해 개열되어, 응고촉진 활성을 갖는 BDD FVIII 단백질을 방출한다.

[0628] AE288 또는 AG288을 포함하는 BDD FVIII-/FXI/-XTEN 발현 벡터의 작제

[0629] XTEN 서열 AE288 및 AG288을 BsaI 및 HindIII로 분해함으로써 pBC0060에서의 융합된 AE864 XTEN 서열을 대체한다. 각각의 AE288 또는 AG288 XTEN 단편 및 BsaI/HindIII 분해된 pBC0051을 사용하는 후속 결찰 단계는 BDD FVIII 발현 벡터로의 AE288 또는 AG288 서열의 교환을 허용한다. 생성된 최종 작제물은 BDD FVIII-AE288의 경우

pBC0061이고 BDD FVIII-AG288의 경우 pBC0062이다. pBC0061 작제물의 포유동물 세포로의 도입은 응고촉진 활성을 갖는 C 말단 AE288 XTEN 융합(BDD FVIII-/-XTEN_AE288)을 갖는 FVIII 단백질을 발현시키는 것으로 예상된다. 포유동물 세포로의 pBC0062 작제물의 도입은 응고촉진 활성을 갖는 C 말단 AG288 XTEN 융합(BDD FVIII-/-XTEN_AG288)을 갖는 FVIII 단백질을 발현시키는 것으로 예상된다.

[0630] 대안적인 XTEN을 갖는 BDD FVIII-/FXI/-XTEN 발현 벡터의 작제

[0631] 다른 XTEN 서열(예를 들면, XTEN의 다른 변이체 및 길이; 예를 들면 AE42, AG42, AG288, AM288)을 코딩하는 DNA를 BsaI 및 HindIII로 분해함으로써 pBC0051에서의 융합된 XTEN 서열을 대체한다. XTEN 단편 및 BsaI/HindIII 분해된 pBC0051을 사용한 결찰은 BDD FVIII 발현 벡터로의 다양한 XTEN 코딩 서열의 교환을 허용하여, 대안적인 작제물을 제공한다. 포유동물 세포로의 대안적인 작제물의 도입은 C 말단 XTEN(BDD FVIII-/FXI/-XTEN)을 갖는 FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상하고, 이는 후속하여 FXI에 의해 개열될 수 있어서, FVIII을 방출하여, 응고촉진 활성을 갖는 응고촉진 FVIII 융합을 발생시킨다.

[0632] **실시예 18: FVIII 신호 펩타이드-XTEN-/FXI/-BDD FVIII에 대한 발현 플라즈미드의 작제**

[0633] FVIII 신호 펩타이드-XTEN_AE864에 대한 발현 벡터의 작제

[0634] FVIII 신호 펩타이드에 대한 코딩 서열은 5'-CTAGCATGCAAATAGAGCTCTCCACCTGCTTCTTTCTGTGCCTTTTGCGATTCTGCTTTAGTGGGTCTCC-3'(서열 번호 1679); 5'-ACCTGGAGACCCACTAAAGCAGAATCGCAAAAGGCACAGAAAGAAGCAGGTGGAGAGCTCTATTTGCATG-3'(서열 번호 1680)의 2개의 올리고를 어닐링함으로써 생성된다. 어닐링된 올리고를 말단 중 어느 하나에서 NheI 및 BsaI 제한 효소 자리에 의해 플랭킹하고 FVII-XTEN_AE864를 코딩하는 NheI/BsaI 분해된 pCW0645 벡터에 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0029라 칭하고, 이는 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 신호 펩타이드-XTEN_AE864 단백질을 코딩한다. 이 작제물을 FVIII 단백질의 N 말단에 융합된 XTEN을 갖는 발현 작제물을 생성하는 중간 작제물로서 사용하고, 또한 분비된 단백질의 N 말단에서 XTEN 융합을 허용하는 발현 작제물을 생성하기 위한 마스터 플라즈미드로서 사용할 수 있다.

[0635] 신호 펩타이드-XTEN_AE864-/FXI/-BDD FVIII 발현 벡터의 작제

[0636] FVIII 코딩 구역 내의 1800bp 단편을 5' 말단에서 NheI-BbsI-/FXI/-AgeI 자리 및 3' 말단에서 내인성 KpnI 제한 효소를 도입하는 프라이머를 사용하여 증폭시킨다. NheI/KpnI 분해된 FVIII 단편을 NheI/KpnI 분해된 pBC0027 벡터와 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 생성된 작제물은 pBC0052라 칭하고, 이는 FVIII 신호 펩타이드가 없는 /FXI/-FVIII 단백질을 코딩하는 서열을 포함한다. 이 작제물을 FVIII 단백질의 N 말단에 융합된 XTEN을 갖는 발현 작제물을 생성하기 위한 중간 작제물로서 사용한다.

[0637] pBC0052 벡터를 Bbsi/XhoI 효소로 분해시키고 Bbsi/XhoI 분해된 pBC0029와 결찰하도록 사용한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0053이라 칭하고, 이는 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 신호 펩타이드-XTEN_AE864-/FXI/-BDD FVIII 단백질을 코딩한다. 포유동물 세포로의 pBC0053 작제물의 도입은 N 말단 XTEN 융합(신호 펩타이드-XTEN_AE864-/FXI/-BDD FVIII)을 갖는 FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상되고, 이는 후속하여 FXI에 의해 개열되어, BDD FVIII 단백질을 방출한다.

[0638] 신호 펩타이드-XTEN-/FXI/-BDD FVIII 발현 벡터의 작제

[0639] 다른 XTEN 단편(예를 들면, AM, AF, AG)을 BsaI 및 BbsI로 분해함으로써 pBC0053에서의 융합된 XTEN 서열을 대체할 수 있다. XTEN 단편 및 BsaI/BbsI 분해된 pBC0053을 사용한 결찰은 BDD FVIII 발현 벡터로의 다양한 XTEN 시편(예를 들면, AM, AF, AG)의 교환을 허용한다. 다양한 XTEN 융합은 이 단백질의 반감기를 달리 증가시킬 있어서, 이 단백질의 특성(예를 들면, 효능, 효력)을 변형시킨다. 포유동물 세포로의 임의의 이 융합 작제물의 도입은 N 말단 XTEN 융합(신호 펩타이드-XTEN-/FXI/-BDD FVIII)을 갖는 FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상되고, 융합된 XTEN 펩타이드는 후속하여 FXI에 의해 개열될 수 있어서, BDD FVIII 단백질을 생성한다.

[0640] **실시예 19: 도메인간 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII의 작제**

[0641] A2-B 도메인 경계에서 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제

[0642] pBC0027 작제물(pMK-BDD FVIII-스탑)은 BDD FVIII 단백질 코딩 서열을 포함하도록 설계된 클로닝 벡터이지만, BDD FVIII의 발현을 개시하도록 위치한 프로모터는 아니다. 벡터 골격이 매우 적은 제한 효소 자리를 포함하여, 용이한 클로닝 전략을 허용하므로, 이 작제물은 BDD FVIII의 코딩 서열의 전략에 사용된다. BDD FVIII 단백질은 167539.66의 전체 분자량에서 1457개의 아미노산을 포함한다. A1, A2, B, A3, C1 및 C2 도메인인 야생형 FVIII 단백질 내에 6개의 도메인이 존재한다. BDD FVIII 단백질에서, B 도메인 중 대부분은 비구조화 도메인인 것으로 생각되므로 결실되고, 도메인의 제거는 이 단백질의 중요한 작용을 변경하지 않는다. 그러나, B 도메인 경계는 단백질 반감기의 연장을 허용하는 XTEN 융합을 생성하기 위한 훌륭한 위치인 것으로 보인다.

[0643] pBC0027 작제물 내에, A2-B 접합부의 경계에서 독특한 HindIII 제한 효소 자리가 존재한다. XTEN(예를 들면, 표 4 또는 표 13 내지 표 17의 서열)은 XTEN 코딩 서열의 말단 중 어느 하나에서 HindIII 및 FXI 개열 자리를 도입하는 프라이머를 사용하여 증폭된다. 다양한 XTEN 단편을 증폭함으로써 융합된 XTEN 서열은 변경될 수 있다. 다양한 XTEN 융합은 이 단백질의 반감기를 달리 증가시켜, 이 단백질의 특성(예를 들면, 효능, 효력)을 변경시킬 수 있다. HindIII-/FXI/-XTEN-/FXI/-HindIII 단편을 HindIII로 분해시키고 HindIII 분해된 pBC0027과 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0054라 칭하고, 이는 도메인간 XTEN 융합(FVIII(A1-A2)-/FXI/-XTEN-/FXI/-FVIII(C1-C2))을 갖지만 유전자 발현을 개시하는 프로모터를 갖지 않는 BDD FVIII 단백질을 코딩한다.

[0644] pBC0054 작제물을 NheI/SalI로 분해시키고 NheI/SalI 분해된 CET1019-HS 벡터(밀리포어)와 결찰한다. CET1019-HS 벡터는 인간 CMV 프로모터 및 UCOE 서열을 포함하여 유전자 발현을 수월하게 한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0055(CET1019-HS-FVIII(A1-A2)-/FXI/-XTEN-/FXI/-FVIII(C1-C2))라 칭하고, 이는 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 도메인간(A2/B 도메인간) XTEN 융합(FVIII(A1-A2)-/FXI/-XTEN-/FXI/-FVIII(C1-C2))을 갖는 BDD FVIII 단백질을 코딩한다. 포유동물 세포로의 pBC0055 작제물의 도입은 도메인간 XTEN 융합(FVIII(A1-A2)-/FXI/-XTEN-/FXI/-FVIII(C1-C2))을 갖는 BDD FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상되고, 이는 후속하여 FXI에 의해 개열되어, BDD FVIII 단백질을 방출한다.

[0645] A1-A2 도메인 경계에서의 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제

[0646] pBC0027 작제물은 하기의 4개의 프라이머를 사용하여 2개의 PCR 반응에 대한 주형으로서 설계된다: (반응 I) 5'-ATGATGGCATGGAAGCCTAT-3'(서열 번호 1681); 5'-ATCCCTCACCTTCGCCAGAACCTTCAGAACCCTCACCTTCAGAACCTTCACCAGAACCTTCACCATCTTCCGCTTCTTCATTATTTTTCAT-3'(서열 번호 1682). (반응 II) 5'-TTCTGGCGAAGGTGAGGGATCTGAAGGCGGTTCTGAAGGTGAAGGTGGCTCTGAGGGTTCCGAATATGATGATGATCTTACTGATTCTGAAAT-3'(서열 번호 1683); 5'-TATTCTCTGTGAGGTACCAGC-3 '(서열 번호 1684).

[0647] 생성된 PCR 생성물은 각각 150bp 및 800bp이다. 800bp 생성물은 1개의 프라이머로서 150bp 생성물 및 다른 프라이머로서 5'-TATTCTCTGTGAGGTACCAGC-3'(서열 번호 1685)을 갖는 다음 라운드의 PCR 반응에 대한 주형으로서 사용된다. 제2 라운드의 PCR에 대한 생성물은 930bp이고 PshAI 및 ACC65I 제한 효소로 분해된다. 이 PshAI/Acc65I 플랭킹된 DNA 단편을 PshAI/Acc65I 분해된 pBC0027과 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0058(pMK-BDD FVIII-D345-XTEN_Y36)이라 칭하고, 이는 D345 잔기 후 도메인간(A1/A2 도메인간) XTEN 융합을 갖는 BDD FVIII 단백질을 코딩한다.

[0648] pBC0058 작제물을 NheI/SalI로 분해시키고, NheI/SalI 분해된 CET1019-HS 벡터(밀리포어)와 결찰한다. CET1019-HS 벡터는 인간 CMV 프로모터 및 UCOE 서열을 포함하여 유전자 발현을 수월하게 한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0059(CET1019-HS-BDD FVIII D345-XTEN_Y36)라 칭하고, 이는 인간 CMV 프로모터의 제어 하에 도메인간(A1/A2 도메인간) XTEN 융합을 갖는 BDD FVIII 단백질을 코딩한다. 포유동물 세포로의 pBC0059 작제물의 도입은 도메인간 XTEN 융합(BDD FVIII D345-XTEN_Y36)을 갖는 BDD FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상된다.

[0649] **실시예 20: 도메인간 XTEN 삽입을 갖는 FVIII의 작제**

[0650] (A2 도메인 내의) P598 후 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제

[0651] XTEN_Y36에 대한 코딩 서열을 5'-GAAGCTGGTACCTCACAGAGAATATACAACGCTTTCTCCCCAATCCAGGTGAAGGTTCTGGTGAAGG-3'(서열 번호 1686) 5'-AACTCTGGATCCTCAAGCTGCACTCCAGCTTCGGAACCCTCAGAGCC-3'(서열 번호 1687)의 프라이머를 사용하여 PCR 기법을 이용하여 증폭시킨다.

[0652] 184bp PCR 생성물을 말단 중 어느 하나에서 KpnI 및 BamHI 제한 효소 자리에 의해 플랭킹하고 BDD FVIII 유전자를 코딩하는 KpnII/BamHI 분해된 pBC0027 벡터와 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0056이라 칭하고, 이는 P598 잔기 후에 XTEN_Y36 융합을 갖는 FVIII 단백질을 코딩하는 DNA 서열을 포함한다. PCR 반응에 대한 주형을 변경하고 이에 따라 프라이머를 변경함으로써 BDD FVIII 단백질로 다양한 형태의 XTEN을 도입하기 위해 이 클로닝 전략이 이용된다.

[0653] pBC0056 작제물을 NheI/SalI로 분해시키고, NheI/SalI 분해된 CET1019-HS 벡터(밀리포어)와 결찰한다. CET1019-HS 벡터는 인간 CMV 프로모터 및 UCOE 서열을 포함하여 유전자 발현을 수월하게 한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5a 박테리아 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 DNA 미니프레프에 의해 스크리닝하고 원하는 작제물을 DNA 서열분석에 의해 확인한다. 최종 작제물은 pBC0057(CET1019-HS-FVIII P598-XTEN_Y32)이라 칭하고, 이는 인간 CMV 프로모터의 존재 하에 (A2 도메인 내의) 도메인간 XTEN 융합을 갖는 BDD FVIII 단백질을 코딩한다. 포유동물 세포로의 pBC0057 작제물의 도입은 도메인간 XTEN 융합(FVIII P598-XTEN_Y32)을 갖는 BDD FVIII 단백질을 발현하는 것으로 예상된다.

[0654] 다른 도메인간 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제

[0655] BDD FVIII 내의 다른 도메인간 자리(예를 들면, 표 4 또는 표 13 내지 표 17의 XTEN)로 다양한 XTEN 분절을 도입하기 위해, BDD FVIII을 어닐링할 수 있는 오버행을 갖는 XTEN을 증폭하도록 프라이머가 설계된다. FVIII의 코딩 서열(pMK-BDD FVIII)은 다양한 독특한 제한 효소 자리를 갖도록 설계되어 이 특이적 삽입을 허용한다. 절단 자리를 갖는 독특한 제한 효소가 하기 기재되어 있다: NheI 376, SacI 391, AfiII 700, SpeI 966, PshAI 1417, Acc65I 2192, KpnI 2192, BamHI 2250, HindIII 2658, PfoI 2960, PflMI 3413, ApaI 3893, Bsp1201 3893, SwaI 4265, OliI 4626, XbaI 4644, BstBI 4673, SalI4756 및 XhoI 4762. 포유동물 세포에서 발현을 위한 CET1019-HS(밀리포어)인 인간 CMV 프로모터 구동 벡터로 DNA 단편을 삽입하도록 코딩 서열의 어느 한 말단에서 NheI 및 SalI 자리를 사용한다. 이 작제물은 표 21에 기재된 서열을 갖는 XTEN 융합을 갖는 BDD FVIII 단백질을 발현시킨다.

[0656] **실시예 21: XTEN 삽입을 갖는 FVIII의 작제**

[0657] 2개의 XTEN을 갖는 CFXTEN:

[0658] 다양한 구역(N-말단으로부터 C-말단으로: A1-R1, A1-R2, A2-R1, A2-R2, B 도메인, a3, A3-R1, A3-R2, C-말단)에서 2개의 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN을 얻기 위해, FVIII 활성을 보유하는 단일 XTEN 삽입을 갖는 융합을 발현하는 구성체를 이용한다. FVIII의 코딩 서열(pBC0114 pcDNA4-FVIII_4-X10-Myc-SPATG-His 추가의 RE)(서열 번호 1662에 개시된 'SPATG')은 이 특정한 조합을 허용하는 다양한 독특한 제한 효소 자리를 갖도록 설계된다. 상이한 구역 사이의 이의 상대 자리를 갖는 독특한 제한 효소는 하기 표 18에 기재되어 있다: BsiWI(N-말단 내지 A1-R1), AflII(A1-R1 내지 A1-R2), NheI(A1-R2 내지 A2-R1), KpnI(A2-R1 내지 A2-R2), BamHI(A2-R2 내지 B 도메인), ClaI(a3 내지 A3-R1), PflMI(A3-R1 내지 A3-R2), XbaI(A3-R2 내지 C-말단), AgeI(FVIII C-말단 내지 중지 코돈). 라이브러리를 클로닝하기 위한 하기 표에 기재된 빌딩 블록 및 제한 효소를 선택한다. 각각의 구역에서의 선택된 성분을 1:1의 몰 비로 혼합하고, 독특한 제한 효소를 갖는 2개 세트의 DNA 혼합물을 분해한다. DNA 단편을 1% 아가로스 겔로 분리하고 퀴아젠(Qiagen) 겔 추출 키트로 정제한다. 원하는 제1 구역에서 XTEN 삽입을 갖는 DNA는 삽입체로 간주되지만(아가로스 겔에서의 더 작은 DNA 단편), 원하는 제2 구역에서의 XTEN 삽입을 갖는 DNA는 벡터로서 간주된다(아가로스 겔에서의 더 큰 DNA 단편). 플라즈미드를 재구성하기 위해 삽입체 및 벡터를 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5α 이. 콜라이 경쟁적 숙주 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 잠재적 라이브러리 크기의 대략 3-4배를 커버하도록 회전 사이클 증폭(rolling circle amplification: RCA) 및 생어 서열분석(Sanger sequencing)에 의해 스크리닝한다. 독특한 클론을 확인하고 미니프레프한다. 이후, 2개의 명확한 제한 분해를 이용하여 각각의 구역에서의 XTEN의 통합성을 추가로 확인한다. 생성된 CFXTEN 융합 단백질에 대한 아미노산 및 코딩 DNA 서열이 표 21에 기재되어 있다.

[0659] B/a3 도메인 및 C 말단 내의 1개 또는 2개 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN:

[0660] FVIII의 B/a3 도메인 및 C 말단은 XTEN 삽입을 또한 허용하는 비구조화 구역이다. B/a3 도메인은 폰빌레브란트

인자를 포함하는 다른 보조인자와의 상호작용을 추가로 중재한다. B/a3 도메인에서의 최적 XTEN 삽입을 조사하기 위해, PCR 기반 돌연변이유발 방법을 통해 이 구역의 선택 결실 및 돌연변이를 만들었다. 선택 PCR 반응물 및 벡터를 표 18에 기재된 독특한 제한 효소로 분해한다. DNA 단편을 1% 아가로스 겔로 분리하고 퀴아젠 겔 추출 키트에 의해 정제한다. 원하는 제1 구역에서 XTEN 삽입을 갖는 DNA는 삽입체로 간주되지만(아가로스 겔에서의 더 작은 DNA 단편), 원하는 제2 구역에서의 XTEN 삽입을 갖는 DNA는 벡터로서 간주된다(아가로스 겔에서의 더 큰 DNA 단편). 플라즈미드를 재구성하기 위해 삽입체 및 벡터를 결찰한다. 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5α 이. 콜라이 경쟁적 숙주 세포를 형질전환시킨다. 형질전환체를 잠재적 라이브러리 크기의 대략 8X를 커버하도록 콜로니 PCR 및 생어 서열분석에 의해 스크리닝한다. 독특한 클론을 확인하고 미니프레프한다. 이후, 1개의 3-효소 제한 분해를 이용하여 각각의 구역에서의 XTEN의 통합성을 추가로 확인한다. 생성된 CFXTEN 융합 단백질에 대한 아미노산 및 코딩 DNA 서열이 표 21에 기재되어 있다.

표 18

2 개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII 라이브러리에 대한 클로닝 설계

라이브러리 번호	삽입체 성분(XTEN 구역)	벡터 성분(XTEN 구역)	제한 효소
LSD0001	pSD0005, pSD0006, pSD0007, pSD0008, pSD0017, pSD0018, pBC0136, pBC0137(B-도메인)	pSD0013(C-말단)	NheI + ClaI
LSD0002	pSD0005, pSD0006, pSD0007, pSD0008, pSD0017, pSD0018, pBC0136, pBC0137(B-도메인)	pSD0014(C-말단)	NheI + ClaI
LSD0003	pSD0005, pSD0006, pSD0007, pSD0008, pSD0017, pSD0018, pBC0136, pBC0137(B-도메인)	pSD0019(C-말단)	NheI + ClaI
LSD0004	pSD0005, pSD0006, pSD0007, pSD0008, pSD0017, pSD0018, pBC0136, pBC0137(B-도메인)	pSD0020(C-말단)	NheI + ClaI
LSD0005	pSD0045, pSD0046, pSD0048, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	pSD0001(A2-R1)	BsiWI+ AflII
LSD0006	pSD0045, pSD0046, pSD0048, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	pSD0002(A2-R1)	BsiWI+ AflII
LSD0007	pSD0045, pSD0046, pSD0048, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	pSD0003(A2-R1)	BsiWI+ AflII
LSD0008	pSD0045, pSD0046, pSD0048, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	pSD0004(A2-R1)	BsiWI+ AflII
LSD0037	pSD0045, pSD0046, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	pSD0032(A2-R1)	BsiWI+ AflII
LSD0038	pSD0039(a3)	pSD0045, pSD0046, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	BamHI+ ClaI
LSD0039	pSD0039(a3)	pSD0032, pSD0001, pSD0003(A2-R1)	BamHI+ ClaI
LSD0040	pSD0040, pSD0010, pSD0041(A3-R1)	pSD0045, pSD0046, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	ClaI+ XbaI
LSD0041	pSD0040, pSD0010, pSD0041(A3-R1)	pSD0032, pSD0001, pSD0003(A2-R1)	ClaI+ XbaI
LSD0042	pSD0062, pSD0063, pSD0043, pSD0044(A3-R2)	pSD0045, pSD0046, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	ClaI+ XbaI
LSD0043	pSD0062, pSD0063, pSD0043, pSD0044(A3-R2)	pSD0032, pSD0001, pSD0003(A2-R1)	ClaI+ XbaI
LSD0044	pSD0062, pSD0063, pSD0043, pSD0044(A3-R2)	pSD0040, pSD0010, pSD0041(A3-R1)	PflMI+ XbaI
LSD0045	pSD0039(a3)	pSD0040, pSD0010, pSD0041(A3-R1)	BamHI+ ClaI
LSD0046	pSD0039(a3)	pSD0062, pSD0063, pSD0043, pSD0044(A3-R2)	BamHI+ ClaI
LSD0047	pSD0046(A1-R1)	pSD0001, pSD0003(A2-R1)	BsiWI+ AflII
LSD0048	pSD0045, pSD0051(A1-R1)	pSD0003(A2-R1)	BsiWI+ AflII
pNL0006	PCR 생성물	LSD0003.006(B 도메인 및 C 말단)	BamHI+ PflMI

[0661]

라이브러리 번호	삽입체 성분(XTEN 구역)	벡터 성분(XTEN 구역)	제한 효소
pNL0007	PCR 생성물	LSD0003.006(B 도메인 및 C 말단)	ClaI+ PflMI
pNL0008	PCR 생성물	LSD0003.009(B 도메인 및 C 말단)	ClaI+ PflMI
pNL0009	PCR 생성물	pSD0039(a3 도메인)	BamHI+ AscI
pNL0010	LSD0003.006(B 도메인 및 C 말단)	pNL0009(a3 도메인)	XbaI+ AgeI

[0662]

[0663] **실시예 22: 18/26번, 403번, 745/1656번, 1720번, 1900번 또는 2332번 자리에서의 3 내지 5개의 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제**

[0664] 3개, 4개, 5개 또는 6개의 XTEN 삽입을 갖는 작제물을 재조합하고 생성하기 위해 18/26번, 403번, 745/1656번, 1720번, 1900번 또는 2332번 자리에서 XTEN 삽입을 갖는 FVIII-융합 작제물을 선택한다.

[0665] **26번, 403번, 1656번, 1720번 또는 1900번 자리에서의 3 내지 5개의 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제**

[0666] 원하는 자리에서의 단일 XTEN을 갖는 선택된 작제물은 pSD0050, pSD0001, pSD0039, pSD0010 및 pSD0062이다. 원하는 자리에서 이중 XTEN을 갖는 작제물은LSD0005.002, LSD0038.001, LSD0040.002, LSD0042.013, LSD0039.010, LSD0041.008, LSD0043.008, LSD0045.002, LSD0046.002 및 LSD0044.002를 포함한다. 작제물을 클로닝하기 위한 표 19에 기재된 빌딩 블록 및 제한 효소를 선택한다. 선택된 성분을 독특한 제한 효소로 분해한다. 삽입체 및 벡터의 DNA를 1% 아가로스 겔로 분리하고 퀴아젠 겔 추출 키트로 정제한다. 삽입체 및 벡터를 결찰하고 이후 DH5α 이. 콜라이 경쟁적 숙주 세포로 형질전환한다. 각각의 작제물에 대한 4개의 콜로니를 RCA 및 DNA 서열분석에 의해 분석한다. 원하는 XTEN 삽입을 갖는 클론을 미니프레프한다. 이후, 제한 분해를 사용하여 각각의 구역에서의 XTEN의 통합성을 추가로 확인한다. 생성된 CFXTEN 융합 단백질에 대한 아미노산 및 코딩 DNA 서열이 표 21에 기재되어 있다. 생성된 작제물을 pSD0077 내지 pSD0092라 명명한다.

[0667] **18번, 403번, 1656번, 1720번, 1900번 또는 2332번 자리에서의 4 내지 6개의 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제**

[0668] 작제물 pSD0077 내지 pSD0092는 18번, 403번, 1656번, 1720번, 1900번 및 2332번에서의 삽입을 갖는 4개 내지 6개의 XTEN 작제물을 생성하기 위한 빌딩 블록으로서 작용한다. 작제물을 클로닝하기 위한 하기 표 19에 기재된 빌딩 블록 작제물 및 제한 효소를 선택한다. 선택된 성분을 독특한 제한 효소로 분해한다. 삽입체 및 벡터의 DNA를 1% 아가로스 겔로 분리하고 퀴아젠 겔 추출 키트로 정제한다. 삽입체 및 벡터를 결찰하고 이후 DH5α 이. 콜라이 경쟁적 숙주 세포로 형질전환한다. 각각의 작제물에 대한 8개의 콜로니를 RCA 및 DNA 서열분석에 의해 분석한다. 원하는 XTEN 삽입을 갖는 클론을 미니프레프한다. 이후, 제한 분해를 사용하여 각각의 구역에서의 XTEN의 통합성을 추가로 확인한다. 생성된 CFXTEN 융합 단백질에 대한 아미노산 및 코딩 DNA 서열이 표 21에 기재되어 있다. 생성된 작제물을 pBC0247 내지 pBC0257, pNL0022, 23, 24, 25 및 30이라 명명한다.

[0669] **18번, 403번, 745번, 1720번, 1900번 또는 2332번 자리에서 4 내지 6개의 XTEN 삽입을 갖는 BDD FVIII 발현 벡터의 작제**

[0670] 작제물 pBC0247 내지 pBC0252, pBC0255, pNL0022 내지 pNL0025는 18번, 403번, 745번, 1720번, 1900번 및 2332번에서의 삽입을 갖는 4개 내지 6개의 XTEN 작제물을 생성하기 위한 빌딩 블록으로서 작용한다. 작제물을 클로닝하기 위한 하기 표 19에 기재된 빌딩 블록 작제물 및 제한 효소를 선택한다. 선택된 성분을 독특한 제한 효소로 분해한다. 삽입체 및 벡터의 DNA를 1% 아가로스 겔로 분리하고 퀴아젠 겔 추출 키트로 정제한다. 삽입체 및 벡터를 결찰하고 이후 DH5α 이. 콜라이 경쟁적 숙주 세포로 형질전환한다. 각각의 작제물에 대한 8개의 콜로니를 RCA 및 DNA 서열분석에 의해 분석한다. 원하는 XTEN 삽입을 갖는 클론을 미니프레프한다. 이후, 제한 분해를 사용하여 각각의 구역에서의 XTEN의 통합성을 추가로 확인한다. 생성된 CFXTEN 융합 단백질에 대한 아미노산 및 코딩 DNA 서열이 표 21에 기재되어 있다. 생성된 작제물을 pBC0258 내지 pBC0268이라 명명한다.

표 19

26 번, 403 번, 1656 번, 1720 번 또는 1900 번 자리에서의 3-5 개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII 라이브러리에 대한 클로닝 설계

작제물 명칭	삽입체 성분(XTEN 구역)	벡터 성분(XTEN 구역)	제한 효소
pSD0077	pSD0050(A1-R1)	LSD0039.010(A2-R1, a3)	BsiWI+ AflII
pSD0078	pSD0010(A3-R1)	LSD0005.002(A1-R1, A2-R1)	ClaI+ XbaI
pSD0079	pSD0062(A3-R2)	LSD0005.002(A1-R1, A2-R1)	ClaI+ XbaI
pSD0080	pSD0050(A1-R1)	LSD0045.002(a3, A3-R1)	BsiWI+ AflII
pSD0081	pSD0050(A1-R1)	LSD0046.002(a3, A3-R2)	BsiWI+ AflII
pSD0082	pSD0050(A1-R1)	LSD0044.002(A3-R1, A3-R2)	BsiWI+ AflII
pSD0083	pSD0010(A3-R1)	LSD0039.010(A2-R1, a3)	ClaI+ XbaI
pSD0084	pSD0062(A3-R2)	LSD0039.010(A2-R1, a3)	ClaI+ XbaI
pSD0085	pSD0062(A3-R2)	LSD0041.008(A2-R1, A3-R1)	PflMI+ XbaI
pSD0086	pSD0062(A3-R2)	LSD0045.002(a3, A3-R1)	PflMI+ XbaI
pSD0087	LSD0039.010(A2-R1, a3)	LSD0040.002(A1-R1, A3-R1)	NheI+ ClaI
pSD0088	LSD0039.010(A2-R1, a3)	LSD0042.013(A1-R1, A3-R2)	NheI+ ClaI
pSD0089	LSD0044.002(A3-R1, A3-R2)	LSD0005.002(A1-R1, A2-R1)	ClaI+ XbaI
pSD0090	LSD0044.002(A3-R1, A3-R2)	LSD0038.001(A1-R1, a3)	ClaI+ XbaI
pSD0091	LSD0044.002(A3-R1, A3-R2)	LSD0039.010(A2-R1, a3)	ClaI+ XbaI
pSD0092	LSD0044.002(A3-R1, A3-R2)	pSD0077(A1-R1, A2-R1, a3)	ClaI+ XbaI
pBC0247	pSD0077	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0248	pSD0078	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0249	pSD0079	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0250	pSD0080	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0251	pSD0082	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0252	pSD0080	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0253	pSD0087	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0254	pSD0088	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0255	pSD0089	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0256	pSD0090	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pBC0257	pSD0092	LSD0050.003	NheI+ BstBI
pNL0022	LSD0003.009	pSD0083	XbaI+ AgeI
pNL0023	LSD0003.009	pSD0084	XbaI+ AgeI
pNL0024	LSD0003.009	pSD0085	XbaI+ AgeI
pNL0025	LSD0003.009	pSD0086	XbaI+ AgeI
pNL0030	LSD0003.009	pSD0091	XbaI+ AgeI

[0671]

작제물 명칭	삽입체 성분(XTEN 구역)	벡터 성분(XTEN 구역)	제한 효소
pBC0258	LSD0003.006	pBC0247	BamHI+ClaI
pBC0259	LSD0003.006	pBC0248	BamHI+ClaI
pBC0260	LSD0003.006	pBC0249	BamHI+ClaI
pBC0261	LSD0003.006	pBC0250	BamHI+ClaI
pBC0262	LSD0003.006	pBC0251	BamHI+ClaI
pBC0263	LSD0003.006	pBC0252	BamHI+ClaI
pBC0264	LSD0003.006	pBC0255	BamHI+ClaI
pBC0265	LSD0003.006	pNL0022	BamHI+ClaI
pBC0266	LSD0003.006	pNL0023	BamHI+ClaI
pBC0267	LSD0003.006	pNL0024	BamHI+ClaI
pBC0268	LSD0003.006	pNL0025	BamHI+ClaI

[0672]

[0673] **실시예 23: B 도메인에서의 제1 XTEN, C 말단에서의 제2 XTEN, 및 A1 또는 A2 또는 A3 도메인 내의 제3 또는 제4 XTEN 삽입의 3개 또는 4개의 XTEN을 갖는 CFXTEN 발현 벡터의 작제**

[0674] A1, A2 또는 A3 도메인에서의 XTEN 삽입을 갖는 응고 활성 클론 및 B 도메인 내에 및 C 말단에서 삽입된 XTEN을 갖는 클론을 조합함으로써 3개의 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN 융합 단백질의 라이브러리를 작제한다. 3개의 XTEN 라이브러리의 구성원을 선택하기 위해 A1, A2 또는 A3 도메인에서 첨가된 제4 XTEN을 갖는 추가의 라이브러리를 작제한다. 클로닝 반응식의 설계는 하기 표에 요약되어 있다. 제한 효소 분해 및 아가로스 겔 정제에 의해 삽입체 및 벡터에 대해 DNA를 제조한다. 삽입체를 상응하는 벡터와 결찰한 후, 결찰된 DNA 혼합물을 사용하여 DH5α 경쟁적 이. 콜라이 숙주 세포로 형질전환한다. 잠재적 라이브러리 크기의 대략 3-4배를 커버하도록 형질전환체를 RCA 및 서열분석에 의해 스크리닝한다. 독특한 클론을 분석하고 미니프레프한다. 이후, 3개의 명확한 제한 분해를 사용하여 각각의 XTEN의 통합성을 추가로 확인한다. 생성된 CFXTEN 융합 단백질에 대한 아미노산 및 코딩 DNA 서열이 표 21에 기재되어 있다.

표 20

B 도메인, C-말단 및 A1/A2/A3 도메인 자리에서의 3 개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII 라이브러리에 대한 클로닝 설계

라이브러리 번호	삽입체 성분(XTEN 구역)	벡터 성분 (XTEN 구역)	제한 효소
LSD0049	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	pSD0045, pSD0046, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	BamHI+ AgeI
LSD0050	LSD0003.009(B 도메인 및 C-말단)	pSD0045, pSD0046, pSD0049, pSD0050, pSD0051, pSD0052(A1-R1)	BamHI+ AgeI
LSD0051	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	pSD0032, pSD0001, pSD0003(A2-R1)	BamHI+ AgeI
LSD0052	LSD0003.009(B 도메인 및 C-말단)	pSD0032, pSD0001, pSD0003(A2-R1)	BamHI+ AgeI
LSD0053	pSD0040, pSD0010, pSD0041(A3-R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0054	pSD0040, pSD0010, pSD0041(A3-R1)	LSD0003.009(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0055	pSD0062, pSD0063, pSD0043, pSD0044(A3-R2)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0056	pSD0062, pSD0063, pSD0043, pSD0044(A3-R2)	LSD0003.009(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0057	pSD0001(A2-R1)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	NheI+ BamHI
LSD0058	pSD0003(A2-R1)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	NheI+ BamHI
LSD0059	pNL0005(A2-R1)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	NheI+ BamHI
LSD0060	pBC0246(A2-R1)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	NheI+ BamHI
LSD0061	pSD0009(A3-R1)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0062	pSD0010(A3-R1)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0063	pNL0004(A3-R2)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0064	pSD0063(A3-R2)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0065	pNL0002(A3-R2)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0066	pSD0043(A3-R2)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0067	pNL0003(A3-R2)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B	ClaI+ XbaI

[0675]

		도메인 및 C-말단)	
LSD0068	pSD0044(A3-R2)	LSD0049.021, LSD0049.002, LSD0049.011, LSD0049.012(A1-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0069	pSD0009(A3-R1)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0070	pSD0010(A3-R1)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0071	pNL0004(A3-R2)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0072	pSD0063(A3-R2)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0073	pNL0002(A3-R2)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0074	pSD0043(A3-R2)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0075	pNL0003(A3-R2)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
LSD0076	pSD0044(A3-R2)	LSD0051.002, pBC0244, pBC0245(A2-R1, B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
pSD0093	pNL0004(A3-R2)	LSD0053.022(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	PflMI+ XbaI
pSD0094	pSD0063(A3-R2)	LSD0053.022(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	PflMI+ XbaI
pSD0095	pNL0002(A3-R2)	LSD0053.022(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	PflMI+ XbaI
pSD0096	pSD0043(A3-R2)	LSD0053.022(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	PflMI+ XbaI
pSD0097	pNL0003(A3-R2)	LSD0053.022(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	PflMI+ XbaI
pSD0098	pSD0044(A3-R2)	LSD0053.022(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	PflMI+ XbaI
pCS0001	pBC0168(A1)	LSD0055.021(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI
pCS0002	pBC0134(A2_R2)	LSD0055.021(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI
pCS0003	pBC0179(C1)	LSD0055.021(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	ApaI+ XbaI
pCS0004	pBC0143(C1)	LSD0055.021(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	ApaI+ XbaI
pCS0005	pBC0182(C2)	LSD0055.021(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	ApaI+ XbaI
pCS0006	pBC0144(C2)	LSD0055.021(A3-R1, B 도메인 및 C-말단)	ApaI+ XbaI
pBC0269	pBC0165(A1_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI
pBC0270	pBC0132(A2_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI
pBC0271	pBC0138(A3_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
pBC0272	pBC0176(A3_R2)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
pBC0273	pSD0001(A2_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI
pBC0274	pSD0009(A3_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
pBC0275	pNL0004(A3_R2)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
pBC0276	pBC0280(A1_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI
pBC0277	pBC0281(A2_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	BsiWI+ BamHI

[0676]

pBC0278	pBC0282(A3_R1)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
pBC0279	pBC0283(A3_R2)	LSD0003.006(B 도메인 및 C-말단)	ClaI+ XbaI
L09_01	pBC0284(CT)	pBC0285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293(B 도메인 및 A3_R2)	XbaI+ AgeI
L09_01	pSD0014(CT)	pBC0285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293(B 도메인 및 A3_R2)	XbaI+ AgeI
L09_01	pSD0020(CT)	pBC0285, 286, 287, 288, 289, 290, 291, 292, 293(B 도메인 및 A3_R2)	XbaI+ AgeI

[0677]

표 21

FVIII-XTEN 작제물의 DNA 및 아미노산 서열

작제물 명칭	하기 서열 번호로 개시된 아미노산 서열:	하기 서열 번호로 개시된 DNA 서열:
pBC0114	595	596
pBC0126	597	598
pBC0127	599	600
pBC0165	601	602
pBC0183	603	604
pBC0184	605	606
pBC0166	607	608
pBC0185	609	610
pBC0167	611	612
pBC0128	613	614
pBC0168	615	616
pBC0129	617	618
pBC0169	619	620
pBC0130	621	622
pBC0131	623	624
pBC0132	625	626
pBC0170	627	628
pBC0133	629	630
pBC0171	631	632
pBC0134	633	634
pBC0172	635	636
pBC0135	637	638
pBC0149	639	640
pBC0136	641	642
pBC0137	643	644
pBC0138	645	646
pBC0139	647	648
pBC0140	649	650
pBC0173	651	652
pBC0174	653	654
pBC0175	655	656
pBC0176	657	658
pBC0177	659	660
pBC0178	661	662
pBC0141	663	664
pBC0179	665	666
pBC0180	667	668
pBC0142	669	670
pBC0143	671	672
pBC0181	673	674
pBC0182	675	676
pBC0144	677	678
pBC0145	679	680
pBC0146	681	682
pSD0001	683	684
pSD0002	685	686
pSD0003	687	688
pSD0004	689	690
pSD0005	691	692
pSD0006	693	694

[0678]

pSD0007	695	696
pSD0008	697	698
pSD0009	699	700
pSD0010	701	702
pSD0011	703	704
pSD0012	705	706
pSD0013	707	708
pSD0014	709	710
pSD0017	711	712
pSD0018	713	714
pSD0019	715	716
pSD0020	717	718
pSD0015	719	720
pSD0016	721	722
pSD0021	723	724
pSD0022	725	726
pSD0023	727	728
pSD0024	729	730
pSD0025	731	732
pSD0026	733	734
pSD0027	735	736
pSD0028	737	738
pSD0029	739	740
pSD0030	741	742
pSD0031	743	744
pSD0032	745	746
pSD0033	747	748
pSD0034	749	750
pSD0035	751	752
pSD0036	753	754
pSD0037	755	756
pSD0038	757	758
pSD0039	759	760
pSD0040	761	762
pSD0041	763	764
pSD0042	765	766
pSD0043	767	768
pSD0044	769	770
pSD0062	771	772
pSD0063	773	774
pSD0045	775	776
pSD0046	777	778
pSD0047	779	780
pSD0048	781	782
pSD0049	783	784
pSD0050	785	786
pSD0051	787	788
pSD0052	789	790
pSD0053	791	792
pSD0054	793	794
pSD0055	795	796
pSD0056	797	798
pSD0057	799	800

[0679]

pSD0058	801	802
pSD0059	803	804
pSD0060	805	806
pSD0061	807	808
LSD0001.002	809	810
LSD0001.005	811	812
LSD0001.006	813	814
LSD0001.011	815	816
LSD0001.012	817	818
LSD0001.013	819	820
LSD0001.016	821	822
LSD0001.021	823	824
LSD0002.001	825	826
LSD0002.002	827	828
LSD0002.014	829	830
LSD0003.004	831	832
LSD0003.006	833	834
LSD0003.009	835	836
LSD0003.014	837	838
LSD0004.010	839	840
LSD0004.011	841	842
LSD0004.014	843	844
LSD0004.016	845	846
LSD0004.022	847	848
LSD0003.016	849	850
LSD0005.002	851	852
LSD0005.004	853	854
LSD0005.005	855	856
LSD0005.011	857	858
LSD0005.018	859	860
LSD0006.002	861	862
LSD0006.005	863	864
LSD0006.007	865	866
LSD0006.011	867	868
LSD0007.002	869	870
LSD0007.004	871	872
LSD0007.013	873	874
LSD0008.001	875	876
LSD0008.002	877	878
LSD0008.006	879	880
LSD0008.009	881	882
LSD0008.017	883	884
LSD0002.025	885	886
LSD0002.013	887	888
LSD0003.025	889	890
LSD0004.025	891	892
LSD0003.005	893	894
LSD0007.008	895	896
LSD0044.002	897	898
LSD0044.005	899	900
LSD0044.039	901	902
LSD0044.022	903	904
LSD0044.003	905	906

[0680]

LSD0044.001	907	908
LSD0038.001	909	910
LSD0038.003	911	912
LSD0038.008	913	914
LSD0038.012	915	916
LSD0038.013	917	918
LSD0038.015	919	920
LSD0039.001	921	922
LSD0039.003	923	924
LSD0039.010	925	926
LSD0045.001	927	928
LSD0045.002	929	930
LSD0042.014	931	932
LSD0042.023	933	934
LSD0042.006	935	936
LSD0042.013	937	938
LSD0042.001	939	940
LSD0042.039	941	942
LSD0042.047	943	944
LSD0042.003	945	946
LSD0042.004	947	948
LSD0042.008	949	950
LSD0042.038	951	952
LSD0042.082	953	954
LSD0042.040	955	956
LSD0037.002	957	958
LSD0037.009	959	960
LSD0037.011	961	962
LSD0047.002	963	964
LSD0047.005	965	966
LSD0048.007	967	968
LSD0046.001	969	970
LSD0046.002	971	972
LSD0046.003	973	974
LSD0040.011	975	976
LSD0040.042	977	978
LSD0040.002	979	980
LSD0040.008	981	982
LSD0040.021	983	984
LSD0040.037	985	986
LSD0040.046	987	988
LSD0040.003	989	990
LSD0040.006	991	992
LSD0040.007	993	994
LSD0040.010	995	996
LSD0040.039	997	998
LSD0040.052	999	1000
LSD0041.001	1001	1002
LSD0041.004	1003	1004
LSD0041.006	1005	1006
LSD0041.008	1007	1008
LSD0041.010	1009	1010
LSD0041.014	1011	1012

[0681]

LSD0041.016	1013	1014
LSD0041.035	1015	1016
LSD0043.001	1017	1018
LSD0043.002	1019	1020
LSD0043.005	1021	1022
LSD0043.006	1023	1024
LSD0043.007	1025	1026
LSD0043.008	1027	1028
LSD0043.015	1029	1030
LSD0043.029	1031	1032
LSD0043.043	1033	1034
pSD0077	1035	1036
pSD0078	1037	1038
pSD0079	1039	1040
pSD0080	1041	1042
pSD0081	1043	1044
pSD0082	1045	1046
pSD0083	1047	1048
pSD0084	1049	1050
pSD0085	1051	1052
pSD0086	1053	1054
pSD0087	1055	1056
pSD0088	1057	1058
pSD0089	1059	1060
pSD0090	1061	1062
pSD0091	1063	1064
pSD0092	1065	1066
LSD0049.002	1067	1068
LSD0049.008	1069	1070
LSD0049.011	1071	1072
LSD0049.012	1073	1074
LSD0049.020	1075	1076
LSD0049.021	1077	1078
LSD0050.002	1079	1080
LSD0050.003	1081	1082
LSD0050.007	1083	1084
LSD0050.010	1085	1086
LSD0050.012	1087	1088
LSD0050.014	1089	1090
LSD0051.002	1091	1092
LSD0051.003	1093	1094
LSD0052.001	1095	1096
LSD0052.003	1097	1098
LSD0053.021	1099	1100
LSD0053.022	1101	1102
LSD0053.024	1103	1104
LSD0054.021	1105	1106
LSD0054.025	1107	1108
LSD0054.026	1109	1110
LSD0055.021	1111	1112
LSD0055.022	1113	1114
LSD0055.026	1115	1116
LSD0056.021	1117	1118

[0682]

LSD0056.024	1119	1120
LSD0056.025	1121	1122
pNL0001	1123	1124
pNL0002	1125	1126
pNL0003	1127	1128
pNL0004	1129	1130
pNL0005	1131	1132
pNL0006	1133	1134
pNL0007	1135	1136
pNL0008	1137	1138
pNL0009	1139	1140
pNL0010	1141	1142
pBC0244	1143	1144
pBC0245	1145	1146
pBC0246	1147	1148
pBC0247	1149	1150
pBC0248	1151	1152
pBC0249	1153	1154
pBC0250	1155	1156
pBC0251	1157	1158
pBC0252	1159	1160
pBC0253	1161	1162
pBC0254	1163	1164
pBC0255	1165	1166
pBC0256	1167	1168
pBC0257	1169	1170
pBC0259	1171	1172
pBC0260	1173	1174
pBC0262	1175	1176
pBC0263	1177	1178
pBC0264	1179	1180
pBC0266	1181	1182
pBC0267	1183	1184
pBC0268	1185	1186
pNL0016	1187	1188
pNL0017	1189	1190
pNL0018	1191	1192
pNL0022	1193	1194
pNL0023	1195	1196
pNL0024	1197	1198
pNL0025	1199	1200
pNL0030	1201	1202
LSD0057.001	1203	1204
LSD0057.004	1205	1206
LSD0057.005	1207	1208
LSD0057.010	1209	1210
LSD0058.003	1211	1212
LSD0058.005	1213	1214
LSD0058.006	1215	1216
LSD0059.002	1217	1218
LSD0059.003	1219	1220
LSD0059.005	1221	1222
LSD0059.006	1223	1224

[0683]

LSD0060.001	1225	1226
LSD0060.003	1227	1228
LSD0060.004	1229	1230
LSD0061.002	1231	1232
LSD0061.007	1233	1234
LSD0061.008	1235	1236
LSD0061.012	1237	1238
LSD0062.001	1239	1240
LSD0062.002	1241	1242
LSD0062.006	1243	1244
LSD0062.007	1245	1246
LSD0063.001	1247	1248
LSD0063.003	1249	1250
LSD0063.011	1251	1252
LSD0064.017	1253	1254
LSD0064.018	1255	1256
LSD0064.020	1257	1258
LSD0064.021	1259	1260
LSD0065.001	1261	1262
LSD0065.007	1263	1264
LSD0065.014	1265	1266
LSD0066.001	1267	1268
LSD0066.002	1269	1270
LSD0066.009	1271	1272
LSD0066.011	1273	1274
LSD0067.004	1275	1276
LSD0067.005	1277	1278
LSD0067.006	1279	1280
LSD0067.008	1281	1282
LSD0068.001	1283	1284
LSD0068.002	1285	1286
LSD0068.005	1287	1288
LSD0068.010	1289	1290
LSD0069.004	1291	1292
LSD0069.008	1293	1294
LSD0070.003	1295	1296
LSD0070.004	1297	1298
LSD0070.005	1299	1300
LSD0071.001	1301	1302
LSD0071.002	1303	1304
LSD0071.008	1305	1306
LSD0072.001	1307	1308
LSD0072.002	1309	1310
LSD0072.003	1311	1312
LSD0073.002	1313	1314
LSD0073.004	1315	1316
LSD0073.006	1317	1318
LSD0074.007	1319	1320
LSD0074.010	1321	1322
LSD0074.011	1323	1324
LSD0075.003	1325	1326
LSD0075.004	1327	1328
LSD0075.007	1329	1330

[0684]

LSD0076.002	1331	1332
LSD0076.003	1333	1334
pSD0093	1335	1336
pSD0094	1337	1338
pSD0095	1339	1340
pSD0096	1341	1342
pSD0097	1343	1344
pSD0098	1345	1346
pSD0099	1347	1348
pSD0100	1349	1350
pSD0101	1351	1352
pSD0102	1353	1354
pSD0103	1355	1356
pSD0104	1357	1358
pCS0001	1359	1360
pCS0002	1361	1362
pCS0003	1363	1364
pCS0004	1365	1366
pCS0005	1367	1368
pCS0006	1369	1370
pBC0269	1371	1372
pBC0270	1373	1374
pBC0271	1375	1376
pBC0272	1377	1378
pBC0273	1379	1380
pBC0274	1381	1382
pBC0275	1383	1384
pBC0276	1385	1386
pBC0277	1387	1388
pBC0278	1389	1390
pBC0279	1391	1392
pBC0280	1393	1394
pBC0281	1395	1396
pBC0282	1397	1398
pBC0283	1399	1400
pBC0284	1401	1402
pBC0285	1403	1404
pBC0286	1405	1406
pBC0287	1407	1408
pBC0288	1409	1410
pBC0289	1411	1412
pBC0290	1413	1414
pBC0291	1415	1416
pBC0292	1417	1418
pBC0293	1419	1420
pBC0294	1421	1422
pBC0295	1423	1424
pBC0296	1425	1426
pBC0297	1427	1428
pBC0298	1429	1430
pBC0299	1431	1432
pBC0300	1433	1434
pBC0301	1435	1436

[0685]

pBC0302	1437	1438
pBC0303	1439	1440
pBC0304	1441	1442
pBC0305	1443	1444
pBC0306	1445	1446
pBC0307	1447	1448
pBC0308	1449	1450
pBC0309	1451	1452
pBC0310	1453	1454
pBC0311	1455	1456
pBC0312	1457	1458
pBC0313	1459	1460
pBC0314	1461	1462
pBC0315	1463	1464
pBC0316	1465	1466
pBC0317	1467	1468
pBC0318	1469	1470
pBC0319	1471	1472
pBC0320	1473	1474
pBC0321	1475	1476
PBC0322	1477	1478
PBC0323	1479	1480
pNL0040	1481	1482
pNL0041	1483	1484
pNL0042	1485	1486
pNL0043	1487	1488

[0686]

[0687] **실시예 24: 포유동물 세포의 형질감염, FVIII-XTEN의 발현 및 FVIII 활성의 평가**

[0688] FVIII-XTEN 융합 단백질을 발현하고 회수하기 위해 CHO, BHK, COS 및 HEK293(이들로 제한되지는 않음)을 포함하는 포유동물 세포는 상기 실시예의 벡터에 의한 형질전환에 적합하다. 전기천공 및 화학 (PEI) 형질감염 방법을 포함하는 일시적 형질감염에 의해 BDD FVIII 및 FVIII-XTEN 융합 단백질 작제물 pBC0114, pBC0135, pBC0136, pBC0137, pBC0145, pBC0146 및 pBC0149를 발현하기 위해 이용된 방법에 대한 상세내용은 하기와 같다.

[0689] ATCC로부터 구입한 부착성 HEK293 세포를 판매업자 추천 배지에서 소생시키고 몇 번의 생성을 위해 계대 배양한 후 다수의 바이알을 5% DMSO를 갖는 배지에서 냉동시킨다. 1개의 바이알을 소생시키고 형질감염 전에 1회 이상 계대 배양한다. HEK293 세포를 35㎖ 배지를 사용하여 형질감염마다 1개의 T175에서 1㎖당 대략 $7x10^5$의 밀도로 형질감염 1-2일 전에 평판 배양한다. 형질감염 일자에, 세포를 트리신 분해시키고 탈착시키고 계수한 후 평평한 세포 현탁액이 얻어질 때까지 배지 중에 세정한다. 세포를 계수하고 (상기 세포 계수에 기초한) 적절한 용적의 세포를 50㎖ 원심분리 관에 옮겨서, 형질감염마다 대략 $4x10^6$개의 세포가 존재한다. 세포를 500 RCF에서 5분 동안 원심분리하고, 상청액을 버리고 세포를 10㎖ D-PBS 중에 재현탁시킨다.

[0690] 전기천공: 전기천공을 위해, 적절한 용적의 재현탁액 완충제를 (네온(Neon)(상표명) 형질감염 시스템 100㎕ 키트에서 제공된) 마이크로피펫을 사용하여 첨가하여, 형질감염마다 110㎕의 완충제가 이용 가능하다. 전체 6㎍에 대해 각각의 개별 FVIII-XTEN 작제물에 대해 11㎕의 플라즈미드 DNA를 포함하는 각각의 에펜도르프 관에 별개 용적의 110㎕의 세포 현탁액을 첨가한다(DNA의 용적이 적을 수 있고, 무균 H20로 11㎕까지 적량). 형질감염에 네온(상표명) 형질감염 디바이스를 사용한다. 전체 2회 펄스 동안 20ms의 펄스 폭에 1100v에서 전기천공하도록 프로그램을 설정한다. (네온(상표명) 형질감염 시스템 100㎕ 키트에서 제공된) 네온(상표명) 관을 네온(상표명) 피펫 스테이션에 위치시킨다. (네온(상표명) 형질감염 시스템 100㎕ 키트에서 제공된) 3㎖ 용적의 전해질 완충제(Electrolytic Buffer) E2를 네온(상표명) 관에 첨가한다. 네온(상표명) 피펫 스테이션을 사용하여 100㎕의 세포-플라즈미드 DNA 혼합물을 전기천공하기 위해 네온(상표명) 피펫 및 100㎕ 네온(상표명) 팁을 사용한다. 전기천공을 실행하고 완료되었을 때, 스테이션으로부터 네온(상표명) 피펫을 제거하고, 형질감염된 세포를 갖는 피펫을 사용하여 세포를 10㎖의 Opti-MEM I 환원 혈청(Reduced-Serum) 배지(1X, 인비트로겐)를 포함하는 100㎜ x 20㎜ 페트리 플레이트로 원형 모션으로 옮겨, 형질감염된 세포를 플레이트에 균등하게 분배한다. 각각의 형질감염에 대한 세포를 발현을 위해 37℃에서 항온처리한다. 형질감염 3일 후에, 10mM 헤페스(Hepes), 5mM $CaCl_2$ 및 4M NaCl의 10% 용적의 염 용액을 각각의 세포 배양에 첨가하고 30분 동안 온화하게 혼합한다. 각각의 세포 배양물을 50㎖ 원뿔 원심분리 관에 옮기고 4℃에서 10분 동안 3000rpm에서 원심분리한다. 각각의 배양물에 대한 상청액을 새로운 50㎖ 원뿔 관에 위치시키고 이후 검정을 위해 에펜도르프에서 5x1㎖ 및 원뿔 관에서 2x15㎖의 분취량으로 분할하거나, 플래시 냉동한 후, ELISA에서 FVIII-XTEN의 발현에 대해 및 본 명세서에 기재된 FVIII

활성 검정에서 성능에 대해 시험한다.

[0691] 화학 형질감염: 당해 분야에 공지된 표준 방법을 이용하여 화학 형질감염을 수행할 수 있다. 본 실시예에서, PEI를 기재된 바대로 이용한다.

[0692] 적어도 30㎖ 작업 용적을 제공하기 위해 충분한 프리스타일(Freestyle) 293(인비트로겐) 배지에서 $7x10^5$개의 세포/㎖로 형질감염 전일에 서스펜션(Suspension) 293 세포를 시딩하고 37℃에서 항온처리한다. 간단히 말하면, 형질감염 일에, 1.5㎖의 분취량의 형질감염 배지를 실온에서 유지시키고, 여기에 90㎕의 1mg/㎖ PEI를 첨가하고 와류시킨다. FVIII-XTEN_AE288 작제물을 코딩하는 30㎕의 용적의 DNA(1mg/㎖의 농도)를 PEI 용액에 첨가하고, 이를 30초 동안 와류시킨다. 혼합물을 실온에서 5-15분 동안 유지시킨다. DNA/PEI 혼합물을 HEK293 세포에 첨가하고, 현탁액을 미리 확립된 진탕 플라스크 조건을 이용하여 37℃에서 항온처리한다. DNA/PEI 혼합물의 첨가 약 4시간 후, 1x 용적의 증식 배지를 첨가하고 세포를 37℃에서 5일 동안 항온처리한다. 수확 일에, 10mM 헤페스, 5mM $CaCl_2$ 및 4M NaCl의 10% 용적의 염 용액을 세포 배양에 첨가하고 30분 동안 온화하게 혼합한다. 세포 배양물을 50㎖ 원뿔 원심분리 관에 옮기고 4℃에서 10분 동안 4000rpm에서 원심분리한다. 상청액을 새로운 50㎖ 원뿔 관에 위치시키고 이후 검정을 위해 에펜도르프에서 5x1㎖ 및 원뿔 관에서 2x15㎖의 분취량으로 분할하거나, 플래시 냉동한 후, ELISA에서 FVIII-XTEN의 발현에 대해 및 본 명세서에 기재된 FVIII 활성 검정에서 성능에 대해 시험한다.

[0693] **FVIII-XTEN을 제조하는 안정한 풀 및 세포주의 생성**

[0694] 퓨로마이신과 같은 선택 항생제를 포함하는 배지에서 3-5주 동안 형질감염된 세포를 생성함으로써 안정한 풀을 생성하고, 배지를 2-3일마다 바꾼다. 안정한 클론의 제조 또는 생성에 안정한 세포를 사용할 수 있다. 1차 스크리닝 동안 안정한 세포주 선택을 위해, 진행 중인 계대 배양으로부터 또는 냉동된 바이알로부터 소생된 안정한 풀로부터의 세포를 0.5개의 세포/웰의 표적 밀도로 96웰 플레이트에서 시딩한다. 시딩 약 1주 후 현미경 하에 관찰된 단일 세포 클러스터를 갖는 웰로부터 소비된 배지를 활성 검정 또는 항원 측정에 의해 FVIII의 발현을 대해 시험한다.

[0695] 추가의 라운드의 스크리닝을 위해, 정규화된 세포의 수를 멀티웰 플레이트에 시딩한다. 소비된 배지를 수확하고 ELISA 및 FVIII 활성 검정에 의해 FVIII 농도에 대해 시험한다. 세포를 또한 플레이트로부터 수확하고 Vi-세포를 사용하여 계수한다. 클론을 (1) ELISA 및 활성에 따른 FVIII 역가; (2) ELISA 역가/세포 계수 및 활성 역가/세포 계수의 비; 및 (3) 웨스턴 블롯에 의해 측정된 클론에 의해 제조된 생성물의 통합성 및 동질성에 의해 순위를 매긴다. 각각의 작제물에 대한 다수의 클론은 추가의 라운드의 스크리닝을 위해 1차 스크리닝으로부터 선택된다.

[0696] 제2 라운드의 스크리닝을 위해, 1차 스크리닝으로부터 선택된 상부 클론에 대한 96웰 플레이트에서의 세포를 처음에 T25 플라스크에서 증식시키고 이후 이중 24웰 플레이트에서 시딩한다. 소비된 배지를 FVIII 활성 및 항원 정량화를 위해 플레이트로부터 수집하고 세포를 수확하고 Vi-세포에 의해 계수한다. 클론을 순위를 매기고 이후 ELISA 및 활성 검정, ELISA 역가/세포 및 활성 역가/세포 계수의 비에 의해 역가에 따라 선택한다. 냉동된 바이알을 적어도 5-10개의 클론에 대해 제조하고, 다시 이 클론을 스크리닝하고, ELISA에 의한 역가 및 활성, 및 ELISA 역가/세포 계수 및 활성 역가/세포 계수의 비, 및 웨스턴 블롯에 의해 생성물 통합성 및 동질성에 따라 순위를 매기고, 2-3개의 클론을 진탕 플라스크에서 생산성 평가를 위해 선택한다. 최종 클론을 특이적 생산성 및 생성물 품질에 기초하여 선택한다.

[0697] **서스펜션 293 안정한 클론에 의한 세포 배양 배지에서 선택된 FVIII-XTEN의 제조**

[0698] 상기 방법에 의해 선택된 HEK293 안정한 세포 클론을 진탕 플라스크에서 발현 배지에서 $1-2X10^5$개의 세포/㎖로 시딩한다. 세포 계수, 세포 생존율, FVIII 활성 및 항원 발현 역가를 매일 모니터링한다. FVIII 활성 및 항원 역가 및 생성물 품질이 최적일 때의 일자에, 배양물을 원심분리/무균 여과 또는 깊이 여과/무균 여과에 의해 수확한다. 여액을 접선 흐름 여과(TFF) 프로세싱 및 정제에 즉시 사용하거나 차후의 TFF 프로세싱 및 정제를 위해 -80℃ 냉동기에 저장한다.

[0699] **실시예 25: CFXTEN 작제물의 정제 및 규명**

[0700] 하나 이상의 XTEN을 갖는 CFXTEN 작제물의 정제 및 규명을 위한 예시적인 방법은 하기와 같다.

[0701] **FVIII 친화도 크로마토그래피에 의한 FVII-XTEN_AE864의 정제**

[0702] CFXTEN 함유 상청액을 쿠노 제타플러스(ZetaPlus) 바이오캡 필터 및 쿠노 바이오어슈어(BioAssure) 캡슐을 사용하여 여과시키고 후속하여 30,000 Da MWCO인 밀리포어 펠리콘(Pellicon) 2 미니 카트리지를 사용하여 접선 흐름 여과에 의해 농축시킨다. 동일한 접선 흐름 여과 카트리지를 사용하여, 샘플을 10mM 히스티딘, 20mM 염화칼슘, 300mM 염화나트륨 및 0.02% 트윈(Tween) 80(pH 7.0)으로 투석한다. FVIIISelect 수지(GE 17-5450-01)는 크로마토그래피 수지에 커플링된 13kDa 재조합 단백질 리간드를 사용하여 FVIII 또는 B 도메인 결실 FVIII에 선택적으로 결합한다. 수지를 10mM 히스티딘, 20mM 염화칼슘, 300mM 염화나트륨 및 0.02% 트윈 80(pH 7.0)으로 평형시키고 상청액을 로딩한다. 칼럼을 20mM 히스티딘, 20mM 염화칼슘, 300mM 염화나트륨 및 0.02% 트윈 80(pH 7.0)으로 세척하고, 이후 20mM 히스티딘, 20mM 염화칼슘, 1.0M 염화나트륨 및 0.02% 트윈 80(pH 7.0)으로 세척하고, pH 7.0에서 50% 에틸렌 글라이콜 중에 용해된 20mM 히스티딘, 20mM 염화칼슘, 1.5M 염화나트륨 및 0.02% 트윈 80으로 용리시킨다.

[0703] **접선 흐름 여과 및 투석에 의한 농축 및 완충제 교환**

[0704] CFXTEN을 발현하는 안정한 CHO 세포주로부터의 전체 용적이 적어도 10ℓ인 상청액 뱃취를 쿠노 제타플러스 바이오캡 필터 및 쿠노 바이오어슈어 캡슐을 사용하여 여과시킨다. 이를 후속하여 30,000 Da MWCO인 밀리포어 펠리콘 2 미니 카트리지를 사용하여 접선 흐름 여과에 의해 대략 20배 농축시킨다. 동일한 접선 흐름 여과 카트리지를 사용하여, 샘플을 완충제 교환의 5용적 가치로 10mM 히스티딘, 20mM 염화칼슘, 300mM 염화나트륨 및 0.02% 트윈 80(pH 7.0), 10mM 트라이스(pH 7.5), 1mM EDTA로 투석한다. 샘플을 50mℓ 분취량으로 나누고 -80℃에서 동결시킨다.

[0705] **음이온 교환 크로마토그래피에 의한 CFXTEN의 정제**

[0706] 아크타(Akta) FPLC 시스템을 사용하여, 샘플을 SuperQ-650M 칼럼을 사용하여 정제한다. 칼럼을 완충제 A(0.02mol/ℓ 이미다졸, 0.02mol/ℓ 글라이신 에틸에스터 하이드로클로라이드, 0.15mol/ℓ, NaCl, 2.5% 글라이세롤(pH 6.9))로 평형시키고 샘플을 로딩한다. 샘플을 완충제 B(5mmol/ℓ 히스티딘 HCl(His/HCl), 1.15mol/ℓ NaCl(pH 7.0))를 사용하여 용리시킨다. 215㎚ 크로마토그램을 사용하여 용리 프로파일을 모니터링한다. 용리된 분획을 ELISA, SDS-PAGE 또는 활성 검정에 의해 FVIII에 대해 평가한다. 피크 분획을 풀에 넣고 저장하거나 즉시 트롬빈 활성화 처리한다(O'Brien et al., Blood (1990) 75:1664-1672). 분획을 aPTT 기반 인자 검정을 이용하여 FVIII 활성에 대해 평가한다. 용리 분획 및 로드에서 단백질의 전체 양을 결정하기 위해 브래드포드(Bradford) 검정을 수행한다.

[0707] **소수성 상호작용 크로마토그래피에 의한 CFXTEN의 정제**

[0708] 완충제 A(50mmol/ℓ 히스티딘, 1mmol/ℓ $CaCl_2$, 1M NaCl 및 0.2g/ℓ 트윈 80(등록상표)(pH 7.0))에서의 CFXTEN 샘플을 완충제 A에서 평형된 토요퍼얼 에터(toyopearl ether) 650M 수지에 로딩한다. 칼럼을 10칼럼 용적의 완충제 A로 세척하여 DNA, 부정확하게 폴딩된 형태 및 FVIII 및 다른 오염물질 단백질을 제거한다. CFXTEN을 단일 단계 용리로서 완충제 B(25mmol/ℓ 히스티딘, 0.5mmol/ℓ CaCl2 및 0.4mol/ℓ NaCl(pH 7.0))로 용리시킨다(미국 특허 6005082). 분획을 aPTT 기반 인자 검정을 이용하여 FVIII 활성에 대해 평가한다. 용리 분획 및 로드에서 단백질의 전체 양을 결정하기 위해 브래드포드 검정을 수행한다.

[0709] **음이온 교환 크로마토그래피에 의한 단량체 CFXTEN으로부터 응집된 단백질의 제거**

[0710] 아크타 FPLC 시스템을 사용하여, 샘플을 마크로캡(macrocap) Q 칼럼을 사용하여 정제한다. 칼럼을 완충제 A(20mM MES, 1mM CaCl2(pH 7.0))로 평형시키고 샘플을 로딩한다. 샘플을 20칼럼 용적에 걸쳐 30% 내지 80% 선형 구배의 완충제 B(20mM MES, 1mM CaCl2(pH 7.0) + 500mM NaCl)를 사용하여 용리시킨다. 215㎚ 크로마토그램을 사용하여 용리 프로파일을 모니터링한다. 용리의 초기 부분에 상응하는 분획은 주로 단량체 단백질을 포하하고, 용리의 후기 부분은 주로 응집된 종을 포함한다. 마크로캡Q 칼럼으로부터의 분획을 60㎝ 바이오셉(BioSep) G4000 칼럼에 의한 크기 배제 크로마토그래피를 통해 분석하여 응집물 비함유 샘플을 어떤 풀에 생성할지를 결정한다.

[0711] **트롬빈에 의한 FVIII의 활성화**

[0712] 5mmol/ℓ 히스티딘 HCl(His/HCl), 1.15mol/ℓ NaCl(pH 7.0) 중의 정제된 FVIII을 1:4 비율의 인간 트롬빈 단위대 FVIII 단위로 트롬빈과 처리하고, 샘플을 37℃에서 2시간 이하 동안 항온처리한다. 활성화 과정을 모니터링하기 위해, 이 샘플의 분취량을 이후 인출하고, 아세톤을 4.5용적의 얼음 냉각된 아세톤을 첨가하여 침전시킨다. 샘플을 10분 동안 얼음에서 항온처리하고 침전물을 원심분리기에서 3분 동안 13,000g에서 원심분리

에 의해 수집한다. 아세톤을 제거하고 침전물을 30㎕의 SDS-PAGE 환원 샘플 완충제 중에 재현탁시키고 2분 동안 비등시킨다. 이후, 샘플을 SDS-PAGE 또는 웨스턴 블롯에 의해 평가한다. FVIIIa로의 FVIII의 전환은 40 및 50kDa 단편으로의 중쇄의 전환 및 70kDa 단편으로의 경쇄의 전환을 살펴보아 검사한다(O'Brien et al., Blood (1990) 75:1664-1672).

[0713] **CFXTEN의 SEC 분석**

[0714] 친화도 및 음이온 교환 크로마토그래피에 의해 정제된 FVII-XTEN을 60㎝ 바이오셉 G4000 칼럼으로 크기 배제 크로마토그래피에 의해 분석한다. 약 10㎚의 유체 역학 반경/약 1.7MDa의 겉보기 MW(XTEN-288 융합) 또는 약 12㎚/5.3 MDa의 겉보기 MW(XTEN-864 융합)를 갖는 단분산성 집단은 응집 비함유 샘플을 나타낸다. CFXTEN은 8 이하(FVIII과의 XTEN-288 융합의 경우) 또는 약 15 이하(FVIII과의 XTEN-864 융합의 경우)의 겉보기 분자량 인자를 갖는 것으로 예상된다.

[0715] **CFXTEN의 ELISA 기반 농도 결정**

[0716] 증명된 항체 쌍짓기(VisuLize(상표명) FVIII 항원 키트, 어피니티 바이올로지컬스(Affinity Biologicals), 캐나다 온타리오주 소재)를 이용하여 이중 항체 효소 연결 면역흡착 검정(ELISA)을 이용한 VIII 인자/CFXTEN 항원 농도의 정량적 결정을 수행한다. 스트립 웰을 양 다중클론 항체로 인간 FVIII에 예비 코팅한다. 혈장 샘플을 희석하고 웰에 도포한다. 존재하는 FVIII 항원은 코팅된 항체에 결합한다. 비결합 재료를 세척한 후, 퍼옥시다제 표지 양 검출 항체를 도포하고 포획된 FVIII에 결합하도록 한다. 웰을 다시 세척하고, TMB(퍼옥시다제 기질 테트라메틸벤지딘)의 용액을 도포하고 일정 기간 동안 반응하게 한다. 청색 색상이 전개되고, 이는 산에 의한 급냉 반응 시 황색으로 변한다. 형성된 색상을 450㎚에서 마이크로플레이트 판독기에서 분광학적으로 측정한다. 450㎚에서의 흡광도는 웰에 포획된 FVIII 항원의 분량에 직접 비례한다. 키트에 제공된 구경측정기 플라스마를 사용하여 또는 적절한 매트릭스 중에 CFXTEN 표준물을 치환함으로써 검정을 보정한다.

[0717] **FXa 커플링 발색 기질 검정을 통한 CFXTEN 활성의 평가**

[0718] 크로모게닉 코아마틱(Chromogenix Coamatic) VIII 인자(크로모게닉, 카탈로그 82258563호)를 사용하여, FVIII 또는 FVIII을 포함하는 CFXTEN의 활성을 하기와 같이 평가한다. 칼슘 이온 및 인지질의 존재 하에, X 인자를 IXa 인자에 의해 Xa 인자로 활성화한다. 이 반응에서 보조인자로서 작용하는 VIII 인자에 의해 이 활성화를 온화하게 자극한다. 최적 양의 Ca^{2+}, 인지질 및 IXa 인자 및 과량의 X 인자를 사용하여, X 인자의 활성화 속도는 VIII 인자의 양에 직선으로 관련된다. Xa 인자는 발색 기질 S-2765를 가수분해시켜 발색단, pNA를 방출한다. 이후, 색상을 405㎚에서 분광학적으로 측정한다. 생성된 Xa 인자 및 이에 따른 색상 강도는 샘플에서 VIII 인자 활성에 비례한다. 합성 트롬빈 억제제 I-2581을 기질과 함께 첨가함으로써 형성된 트롬빈에 의한 S-2765의 가수분해는 방지된다. 이 샘플의 최종 A405를 공지된 FVIII 양으로부터 구성된 표준 곡선으로부터의 것과 비교함으로써 비공지 샘플의 활성을 결정한다. (A280 또는 ELISA를 통해) 샘플에 존재하는 FVIII 항원의 양을 또한 결정함으로써, 샘플의 특이적 활성을 결정하여 FVIII의 특정한 제제의 상대 효력을 이해한다. 이는 활성에 대해 평가하고 순위를 매기고자 하는 CFXTEN 융합에 대한 상이한 단리 전략 또는 작제물 설계의 상대 효율을 가능하게 한다.

[0719] **CFXTEN 활성 결정을 위한 aPTT 기반 검정**

[0720] CFXTEN은 내재성 또는 접촉 활성화 응고 경로에서 FVIII을 대체하도록 작용한다. 활성화 부분 트롬보플라스틴 시간 검정(aPTT)을 이용하여 이 응고 경로의 활성을 평가한다. 하기한 바대로 FVIII 활성을 특이적으로 측정한다: 정상 대조군 혈장(퍼시픽 헤모스타시스(Pacific Hemostasis) 카탈로그 100595호)을 FVIII 결핍 혈장(카탈로그 100800호)으로 2배 희석하고 VIII 인자 결핍 혈장으로 다시 6, 4배 연속 희석을 수행함으로써 표준 곡선을 작도한다. 이는 활성의 500, 130, 31, 7.8, 2.0, 0.5 및 0.1IU/㎖에서의 점을 갖는 표준 곡선을 생성하고, 활성의 1단위는 1㎖의 정상 인간 혈장 중 FVIIIC 활성의 양으로서 정의된다. 눌(null) 혈장에서 활성의 배경 수준을 결정하기 위해 FVIII 결핍 혈장이 또한 포함된다. 1:10의 용적 비율로 FVIII 결핍 혈장에 CFXTEN을 첨가함으로써 샘플을 제조한다. 하기한 바대로 aPTT 검정을 이용하여 샘플을 시험한다. 샘플을 분자 디바이스 플레이트 판독기 분광광도계에서 37℃에서 2분 동안 항온처리하고, 이때 동일 용적의 aPTT 시약(퍼시픽 헤모스타시스 카탈로그 100402호)이 첨가되고 추가로 3분 동안 37℃에서 항온처리를 수행한다. 항온처리 후, 1용적의 염화칼슘(퍼시픽 헤모스타시스 카탈로그 100304호)을 첨가함으로서 검정을 활성화한다. 탁도를 450㎚에서 5분 동안 모니터링하여 반응 프로파일을 생성한다. aPTT 시간 또는 응고 활성 개시 시간은 OD405㎚이 기준에 비해 0.06만큼 증가하는 제1 시간으로서 정의된다. aPTT 시간에 선형으로 관련된 활성의 로그를 갖는 로그-선형 표준 곡선을

생성한다. 이로부터 플레이트 웰에서의 샘플의 활성을 결정하고, 이후 FVIII 결핍 혈장으로의 희석에 해당하는 11을 곱하여 샘플에서의 활성을 결정한다. (A280 또는 ELISA를 통해) 샘플에 존재하는 FVIII 항원의 양을 또한 결정함으로써, 샘플의 특이적 활성을 결정하여 FVIII의 특정한 제제의 상대 효력을 이해할 수 있다. 이는 순위 매기고자 하는 CFXTEN 융합에 대한 상이한 단리 전략 또는 작제물 설계의 상대 효율이 가능하게 한다.

[0721] **FVIII/FVIII-XTEN 발현된 단백질의 웨스턴 블롯 분석**

[0722] 샘플을 8% 균질한 SDS 겔에서 실행하고 후속하여 PVDF 막에 옮겼다. 1-15 레인에서의 샘플은 하기와 같다: 각각 MW 표준품, FVIII(42.5ng), pBC0100B, pBC0114A, pBC0100, pBC0114, pBC0126, pBC0127(8/5/11; #9), pBC0128, pBC0135, pBC0136, pBC0137, pBC0145, pBC0149 및 pBC0146. 막을 초기에 5% 젖으로 차단하고, 이후 중쇄의 A2 도메인에 특이적인 GMA-012인 항-FVIII 단일후보 항체와 프로빙한다(Ansong C, Miles SM, Fay PJ.J Thromb Haemost. 2006 Apr;4(4):842-7). B 도메인에서의 XTEN288의 삽입은 pBC0136(레인 8, 도 22) 및 pBC0137(레인 9, 도 22)에 관찰되었고, C 말단에서의 XTEN288 삽입은 pBC0146에 관찰되었다(레인 12, 도 22). 모든 평가된 FVIII-XTEN 단백질은 pBC0114 기초 작제물 또는 FVIII 표준품보다 높은 적어도 21kDa의 분자량을 갖는 단일 사슬 단백질의 존재를 나타낸다. 또한, AE42 삽입은 pBC0114 기초 단백질보다 높은 약 5kDa에서 실행되는 단일 사슬 및 기초 단백질의 90kDa 밴드보다 높은 약 5kDa에서 실행되는 중쇄를 갖는 pBC0135(레인 7, 도 22) 및 pBC0149(레인 11, 도 22)에 대해 관찰되었다.

[0723] **ELISA에 의한 발현된 FVIII의 검정**

[0724] 세포 배양에 의한 작제물의 FVIII-XTEN 융합 단백질의 발현을 검증하고 정량화하기 위해, ELISA 검정을 확립하였다. SAF8C-AP(어피니티 바이올로지컬스) 또는 GMA-8002(그린 마운틴 안티바디즈(Green Mountain Antibodies)) 중 어느 하나인 포획 항체, 또는 FVIII-LC ELISA에 대한 GMA011 항체(그린 마운틴 안티바디즈) 또는 GMA016 항체를 ELISA 플레이트의 웰에 부동화한다. 이후, 웰을 차단 완충제(1x PBS/3% BSA)와 항온처리하여 항-FVIII 항체에 대한 다른 단백질의 비특이적 결합을 방지한다. 이후, FVIII 표준품 희석액(약 50ng 내지 0.024ng 범위), 품질 대조군 및 세포 배양 배지 샘플을 웰에서 1.5시간 항온처리하여 코팅된 항체에 대한 발현된 FVIII 단백질의 결합을 허용한다. 이후, 웰을 광범위하게 세척하고 결합 단백질을 항-FVIII 검출 항체와 항온처리하고, SAF8C-바이오티닐화(어피니티 바이올로지컬스)한다. 이후, FVIII 검출 항체에 접합된 바이오틴에 결합하는 스트렙타비딘-HRP를 웰에 첨가하고 1시간 동안 항온처리한다. 마지막으로, OPD 기질을 웰에 첨가하고 HRP 효소에 의한 이의 가수분해를 490nm 파장에서 플레이트 판독기로 모니터링한다. 이후, 각각의 배양 희석액에서의 비색 반응을 표준 곡선과 비교함으로써 FVIII 함유 샘플의 농도를 계산한다. 하기 표 22에서의 결과는 다양한 작제물의 FVIII-XTEN이 세포 배양 배지에서 0.4-1㎍/㎖로 발현된다는 것을 나타낸다. ELISA에 의해 얻은 결과 및 활성 데이터는 FVIII-XTEN 융합 단백질이 기재된 형질감염 방법을 이용하여 매우 잘 발현된다는 것을 나타낸다. 더욱이, 실험적 조건 하에, 이 결과는 FVIII-XTEN 단백질의 특이적 활성 값이 (BDD FVIII을 발현하는) pBC0114 기초 작제물과 유사하거나 이보다 우수하는 것을 나타내고, FVIII의 C 말단 또는 B 도메인으로의 XTEN 삽입이 FVIII 단백질 작용을 보존시킨다는 것을 제시한다.

[0725] **CFXTEN 융합 단백질에 대한 발색 활성 검정**

[0726] FVIII BDD 서열의 C 말단에서 삽입된 XTEN AE288 및 AG288을 포함하는, 다양한 구성의, BDD FVIII 및 CFXTEN 융합 단백질 작제물 pBC0114, pBC0135, pBC0136, pBC0137, pBC0145, pBC0146, 및 pBC0149 및 AE42 및 AE288이 B 도메인의 745번 잔기(또는 743번 잔기) 후에 및 1640번 잔기(또는 1638번 잔기) 전에 삽입된 FVIII-XTEN 융합 단백질(알라닌으로 돌연변이된 P1648 프로세싱 자리를 갖는 작제물 포함)을 상기 기재된 바대로 일시적으로 형질감염된 프리스타일 293 세포에서 발현시키고, 응고촉진 활성에 대해 시험한다. X 인자의 활성화가 샘플에서 VIII 인자의 양에 선형으로 관련된 검정인 크로모게닉 코아마틱(등록상표) VIII 인자 검정을 이용하여 세포 배양 배지에 존재하는 각각의 FVIII-XTEN 단백질의 응고촉진 활성을 평가한다. 말단점 방법을 이용하여 제조업자의 지시사항에 따라 검정을 수행하고, 이 방법은 OD405nm에서 분광학적으로 측정된다. 250, 200, 150, 100, 75, 50, 37.5, 25, 12.5, 6.25, 3.125 및 1.56mU/㎖의 농도에서 정제된 FVIII 단백질을 사용하여 표준 곡선을 생성한다. VIII 인자 표준품의 희석액, 품질 대조군 및 샘플을 검정 완충제 및 PEI 배양 배지와 제조하여 검정 성능에서 배지의 효과를 설명한다. 양성 대조군은 20, 40 및 80mU/㎖ 농도에서의 정제된 VIII 인자 단백질 및 XTEN 삽입이 결여된 pBC0114 FVIII 기초 작제물의 세포 배양 배지로 이루어진다. 음성 대조군은 검정 완충제 또는 PEI 배양 배지 단독으로 이루어진다. FVIII-XTEN 작제물의 세포 배양 배지를 상기 기재된 바대로 얻고, 1:50, 1:150 및 1:450 희석액에서 반복하여 시험하고, 각각의 활성은 U/㎖로 계산한다. 각각의 FVIII-XTEN 작제물은 기초 작제물 양성 대조군에 적어도 필적하고 몇몇 경우에는 더 큰 응고촉진 활성을 나타내고, 실험 조건 하에,

FVIII의 C 말단에서의 AE288 또는 AG288을 포함하는 XTEN의 연결 또는 B 도메인 내의 AE42 또는 AE288을 포함하는 XTEN의 삽입은 FVIII 응고촉진 활성을 보유하거나 심지어 증대시킨다는 것을 지지한다.

표 22

ELISA 및 발색 FVIII 활성 검정의 결과

FVIII-XTEN 작제물	활성(IU/ml)	농도(μg/ml)	비활성(IU/mg)	작제물의 설명
pBC0114	3.0	0.6	5000	XTEN 삽입에 사용되는 BDD FVIII 기초 작제물
pBC0146	7.4	0.6	12759	FVIII 의 C 말단에서 삽입된 XTEN AG288 을 갖는 FVIII 작제물
pBC0145	3.1	0.6	4844	FVIII 의 C 말단에서 삽입된 XTEN AE288 을 갖는 FVIII 작제물
pBC0135	4.0	1.0	4124	745 번 잔기와 1640 번 잔기 사이에 삽입된 XTEN AE42 를 갖는 FVIII 작제물
pBC0149	4.9	0.9	5581	745 번 잔기와 1640 번 잔기 사이에 삽입된 XTEN AE42 및 Ala 로의 Arg1648 의 돌연변이를 갖는 FVIII 작제물
pBC0136	2.7	0.4	7670	745 번 잔기와 1640 번 잔기 사이에 삽입된 XTEN AE288 을 갖는 FVIII 작제물
pBC0137	1.9	0.3	6013	745 번 잔기와 1640 번 잔기 사이에 삽입된 XTEN AE288 및 Ala 로의 Arg1648 의 돌연변이를 갖는 FVIII 작제물

[0727]

[0728] **CFXTEN 융합 단백질을 포함하는 세포 배양 샘플 활성 검정에 대한 코아테스트 검정**

[0729] 코아테스트 검정을 이용하여, FVIII 또는 FVIII을 포함하는 CFXTEN의 활성을 하기한 바대로 평가한다.

[0730] 검정 매트릭스: 동일한 플레이트에서의 모든 웰을 동일한 백분율의 배지로 조정하여 매트릭스 효과를 제어한다. 시험 샘플을 희석하여 OD405 리딩은 표준품의 선형 범위 내에 해당한다. FVIII 표준품에 대한 농도 범위는 100mU/mℓ 내지 0.78mU/mℓ이고, 1X 코아테스트 완충제(디아파마(DiaPharma))과 미리 결정된 배양 배지의 백분율로 FVIII 표준품의 4배 연속 희석에 의해 제조된다.

[0731] 코아테스트 SP FVIII(디아파마) 시약 패키지는 10x 코아테스트 완충제 스톡 용액, IXa 인자 + X 인자, 인지질, $CaCl_2$ 및 기질을 포함한다. 9X 용적의 차가운 ddH_2O를 1X 용적의 스톡에 첨가함으로써 1x 코아테스트 용액을 제조한다. 이후, 세포 배양 배지를 미리 결정된 비율로 제조된 1X 용액에 첨가하여 모든 시험 웰에서 매트릭스의 백분율을 정규화한다. 제조업자의 추천에 따라 IXa 인자 + X 인자, 인지질 및 기질을 재구성한다.

[0732] 코아테스트 검정 절차:

[0733] 검정 시약을 제조하고 필요할 때까지 얼음에서 유지시킨다. 25㎕의 희석된 시험 샘플 및 표준품을 2회 96웰 플레이트에 첨가한다. 50㎕의 인지질/IXa 인자/X 인자를 각각의 웰에 첨가하고 플레이트의 측면을 부드럽게 두들겨서 혼합한다. 플레이트를 37℃ 플레이트 가열기에서 5분 동안 37℃에서 항온처리한다. 25㎕의 $CaCl_2$를 각각의 웰에 첨가하고 혼합한다. 플레이트를 플레이트 가열기에서 5분 동안 37℃에서 항온처리한다. 이후, 50㎕의 기질을 각각의 웰에 첨가하고 혼합하고, 상부 표준품이 약 1.5의 OD405 판독을 전개시킬 때까지 플레이트를 추가로 5 내지 10분 동안 37℃에서 항온처리한다. 25㎕의 20% 아세트산을 혼합하면서 각각의 웰에 첨가하여 반응을 중지시키고 웰을 스펙트라맥스(SpectraMAX)(등록상표) 플러스(모레큘러 디바이시스) 분광광도계를 사용하여 OD405에서 판독한다. 소프트맥스(SoftMax) 프로그램(버젼 5.2)을 사용하여 데이터 분석을 수행한다. LLOQ는 검정마다 변하지만, 일반적으로 0.0039IU/mℓ이다.

[0734] 결과: 데이터는 표 23-26에 제시되어 있다. 표 23은 실시예 34를 포함하는 본 명세서에 기재된 기준에 기초하여 XTEN이 선택된 단일 자리에서 삽입된 CFXTEN 융합 단백질로부터의 결과를 제시한다. pBC00114 FVIII 양성 대조군은 우수한 발현 및 FVIII 활성을 나타낸다. 평가된 106개의 단일 XTEN 융합 단백질 중에서, 68%는 측정 가능

한 FVIII 활성을 보유하고, 30%는 응고 검정에서 3+ 내지 4+ 활성을 나타낸다. 평가된 융합 단백질 중 31%는 정량 한계 미만의 결과를 갖는다(상응하는 발현 ELISA 결과에서 반영된 빈약한 발현으로 인할 수 있음). 모든 4개의 B 도메인 삽입 작제물은 C 말단 연결 작제물이 그러한 것처럼 우수한 활성을 나타내어, 이들이 마찬가지로 양호한 삽입 부위라는 것을 나타낸다.

[0735] 단일 삽입 부위 데이터의 결과는 2개의 XTEN 삽입을 갖는 XTEN 작제물의 생성을 지시하고, 이 결과는 표 24에 제시되어 있다. 전체, 양성 비율은 67%이고, 융합 단백질 중 31%는 응고 검정에서 3+ 내지 4+ 활성을 나타낸다.

[0736] 상기 데이터의 결과는 3개의 XTEN 삽입을 갖는 XTEN 작제물의 생성을 안내하고, 이 결과는 표 25에 제시되어 있다. 결국, 샘플 중 92%는 측정 가능한 FVIII 활성을 갖고, 완전히 79%는 응고 검정에서 3+ 내지 4+ 활성을 나타낸다.

[0737] 4개의 XTEN이 A1, A2 및 A3 도메인에서 삽입된 제한된 수의 작제물을 생성하고 평가하고, 5개 중 4개는 FVIII 활성을 나타내어(표 26), 다수의 XTEN의 삽입이 FVIII 활성을 보유하는 생성된 융합 단백질의 능력을 손상시키지 않는다는 것을 제시한다.

[0738] 결론: 실험 조건 하에, 결과는 XTEN 삽입 부위를 선택하기 위해 사용되는 기준이 유효하고, FVIII의 선택된 자리로의 하나 이상의 XTEN의 삽입이 아마도 생성된 CFXTEN 분자의 응고촉진 활성의 보유를 발생시킬 것이고, 3개의 XTEN의 삽입이 단일 또는 이중 XTEN 삽입 작제물과 비교하여 높은 수준의 FVIII 응고촉진 활성을 보유하는 더 큰 비율의 융합 단백질을 생성하는 것으로 보인다는 것을 지지한다.

표 23

1 개의 XTEN 을 포함하는 CFXTEN 에 대한 응고 활성 검정의 결과

삽입 자리	도메인	작제물	활성	발현 ELISA
pBC0114			+++	+++
3	A1	pBC0126	LLOQ*	LLOQ
3	A1	pBC0127	+	+
18	A1	pBC0165	++	++
22	A1	pBC0183	+++	++
26	A1	pBC0184	++	++
40	A1	pBC0166	++	++
60	A1	pBC0185	LLOQ	LLOQ
116	A1	pBC0167	LLOQ	LLOQ
130	A1	pBC0128	LLOQ	LLOQ
188	A1	pBC0168	++	++
216	A1	pBC0129	++	++
230	A1	pBC0169	LLOQ	LLOQ
333	A1	pBC0130	++	++
375	A2	pBC0131	LLOQ	+++
403	A2	pBC0132	++	++
442	A2	pBC0170	++	++
490	A2	pBC0133	+	++
518	A2	pBC0171	LLOQ	+
599	A2	pBC0134	++	++
713	A2	pBC0172	+	+++
745	B	pBC0135	+++	+++
745	B	pBC0149	+++	+++
745	B	pBC0136	++	++
745	B	pBC0137	+++	+++
1720	A3	pBC0138	+++	+++
1796	A3	pBC0139	+	++
1802	A3	pBC0140	+	++
1827	A3	pBC0173	LLOQ	LLOQ
1861	A3	pBC0174	LLOQ	LLOQ
1896	A3	pBC0175	LLOQ	LLOQ
1900	A3	pBC0176	+++	+++
1904	A3	pBC0177	+	+
1937	A3	pBC0178	LLOQ	LLOQ
2019	A3	pBC0141	LLOQ	+
2068	C1	pBC0179	++	++
2111	C1	pBC0180	LLOQ	LLOQ
2120	C1	pBC0142	LLOQ	+
2171	C2	pBC0143	++	+++
2188	C2	pBC0181	LLOQ	LLOQ
2227	C2	pBC0182	++	+++
2277	C2	pBC0144	++	++
2332	CT	pBC0145	+++	+++
2332	CT	pBC0146	+++	+++
403	A2	pSD0001	+++	+++
599	A2	pSD0002	+	+
403	A2	pSD0003	+++	+++
599	A2	pSD0004	+	+
745	B	pSD0005	+++	++

[0739]

삽입 자리	도메인	작제물	활성	발현 ELISA
745	B	pSD0006	+++	+++
745	B	pSD0007	+++	++
745	B	pSD0008	+++	+++
1720	A3	pSD0009	+	+
1720	A3	pSD0010	++	++
2171	C2	pSD0011	+	++
2171	C2	pSD0012	+	++
2332	CT	pSD0013	+++	++
2332	CT	pSD0014	+++	+++
745	B	pSD0017	+++	+++
745	B	pSD0018	+++	+++
2332	CT	pSD0019	+++	+++
2332	CT	pSD0020	+++	+++
2332	CT	pSD0015	++	++
2332	CT	pSD0016	+++	+++
0	N 말단	pSD0021	+	+
32	A1	pSD0022	+++	+++
65	A1	pSD0023	LLOQ	LLOQ
81	A1	pSD0024	LLOQ	LLOQ
119	A1	pSD0025	LLOQ	LLOQ
211	A1	pSD0026	+	+
220	A1	pSD0027	+	+
224	A1	pSD0028	+	+
336	A1	pSD0029	++	+++
339	A1	pSD0030	++	+++
378	A2	pSD0031	LLOQ	++
399	A2	pSD0032	++	++
409	A2	pSD0033	++	++
416	A2	pSD0034	+	+
487	A2	pSD0035	LLOQ	+
494	A2	pSD0036	LLOQ	+
500	A2	pSD0037	LLOQ	+
603	A2	pSD0038	+	+
1656	A3	pSD0039	+++	+++
1656	A3	pNL009**	++++	ND
1711	A3	pSD0040	++	+
1725	A3	pSD0041	LLOQ	++
1749	A3	pSD0042	LLOQ	LLOQ
1905	A3	pSD0043	++	++
1910	A3	pSD0044	+	+
1900	A3	pSD0062	++	++
1900	A3	pSD0063	+++	++
18	A1	pSD0045	+++	+++
18	A1	pSD0046	+++	+++
22	A1	pSD0047	LLOQ	LLOQ
22	A1	pSD0048	LLOQ	LLOQ
26	A1	pSD0049	+++	+++
26	A1	pSD0050	+++	+++
40	A1	pSD0051	+++	+++
40	A1	pSD0052	+++	+++

[0740]

삽입 자리	도메인	작제물	활성	발현 ELISA
216	A1	pSD0053	LLOQ	LLOQ
216	A1	pSD0054	LLOQ	LLOQ
375	A2	pSD0055	LLOQ	+
442	A2	pSD0056	LLOQ	LLOQ
442	A2	pSD0057	LLOQ	LLOQ
1796	A3	pSD0058	LLOQ	LLOQ
1796	A3	pSD0059	+	+
1802	A3	pSD0060	+	+
1802	A3	pSD0061	LLOQ	LLOQ

*LLOQ: 정량 한계 미만

[0741]

** pNL009는 745-1656번의 결실을 포함한다

표 24

2 개의 XTEN 을 포함하는 CFXTEN 에 대한 응고 활성 검정의 결과

삽입 1		삽입 2			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	활성
745	B	2332	CT	LSD0001.002	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.005	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.006	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.011	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.012	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.013	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.016	+++
745	B	2332	CT	LSD0001.021	+++
745	B	2332	CT	LSD0002.001	+++
745	B	2332	CT	LSD0002.002	+++
745	B	2332	CT	LSD0002.014	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.004	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.006	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.009	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.014	+
745	B	2332	CT	LSD0004.010	+++
745	B	2332	CT	LSD0004.011	LLOQ
745	B	2332	CT	LSD0004.014	+++
745	B	2332	CT	LSD0004.016	+++
745	B	2332	CT	LSD0004.022	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.016	+++
0745	B	2332	CT	pNL006	+++
0745	B	2332	CT	pNL007	+++
0745	B	2332	CT	pNL008	++
1656	a3	2332	CT	pNL010	+++
26	A1	403	A2	LSD0005.002	++
26	A1	403	A2	LSD0005.004	++
40	A1	403	A2	LSD0005.005	++
40	A1	403	A2	LSD0005.011	++
18	A1	403	A2	LSD0005.018	++
26	A1	599	A2	LSD0006.002	+
40	A1	599	A2	LSD0006.005	++
40	A1	599	A2	LSD0006.007	++
40	A1	599	A2	LSD0006.011	+++
40	A1	403	A2	LSD0007.002	+
40	A1	403	A2	LSD0007.004	+
26	A1	403	A2	LSD0007.013	++
26	A1	599	A2	LSD0008.001	++
40	A1	599	A2	LSD0008.002	++
26	A1	599	A2	LSD0008.006	+
18	A1	599	A2	LSD0008.009	++
40	A1	599	A2	LSD0008.017	+
745	B	2332	CT	LSD0002.025	+++
745	B	2332	CT	LSD0002.013	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.025	+++
745	B	2332	CT	LSD0004.025	+++
745	B	2332	CT	LSD0003.005	++
26	A1	403	A2	LSD0007.008	++
1720	A3	1900	A3	LSD0044.002	LLOQ

[0742]

[0743]

삽입 1		삽입 2			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	활성
1725	A3	1900	A3	LSD0044.005	LLOQ
1720	A3	1900	A3	LSD0044.039	LLOQ
1711	A3	1905	A3	LSD0044.022	LLOQ
1720	A3	1905	A3	LSD0044.003	LLOQ
1725	A3	1905	A3	LSD0044.001	LLOQ
1656	A3	26	A1	LSD0038.001	++
1656	A3	18	A1	LSD0038.003	++
1656	A3	18	A1	LSD0038.008	+++
1656	A3	40	A1	LSD0038.012	++
1656	A3	40	A1	LSD0038.013	++
1656	A3	26	A1	LSD0038.015	++
1656	A3	399	A2	LSD0039.001	+
1656	A3	403	A2	LSD0039.003	++
1656	A3	403	A2	LSD0039.010	++
1656	A3	1725	A3	LSD0045.001	+
1656	A3	1720	A3	LSD0045.002	++
1900	A3	18	A1	LSD0042.014	+
1900	A3	18	A1	LSD0042.023	+
1900	A3	26	A1	LSD0042.006	+
1900	A3	26	A1	LSD0042.013	++
1900	A3	40	A1	LSD0042.001	+
1900	A3	40	A1	LSD0042.039	+
1900	A3	26	A1	LSD0042.047	+
1905	A3	18	A1	LSD0042.003	+
1905	A3	40	A1	LSD0042.004	LLOQ
1905	A3	26	A1	LSD0042.008	LLOQ
1905	A3	26	A1	LSD0042.038	LLOQ
1905	A3	40	A1	LSD0042.082	LLOQ
1910	A3	26	A1	LSD0042.040	LLOQ
18	A1	399	A2	LSD0037.002	++
26	A1	399	A2	LSD0037.009	+
40	A1	399	A2	LSD0037.011	++
18	A1	403	A2	LSD0047.002	++
18	A1	403	A2	LSD0047.005	+
18	A1	403	A2	LSD0048.007	+
1656	A3	1900	A3	LSD0046.001	++
1656	A3	1900	A3	LSD0046.002	+
1656	A3	1905	A3	LSD0046.003	+
1711	A3	40	A1	LSD0040.011	LLOQ
1711	A3	26	A1	LSD0040.042	LLOQ
1720	A3	26	A1	LSD0040.002	+
1720	A3	40	A1	LSD0040.008	+
1720	A3	18	A1	LSD0040.021	+
1720	A3	26	A1	LSD0040.037	LLOQ
1720	A3	18	A1	LSD0040.046	+
1725	A3	26	A1	LSD0040.003	LLOQ
1725	A3	40	A1	LSD0040.006	LLOQ
1725	A3	26	A1	LSD0040.007	LLOQ
1725	A3	18	A1	LSD0040.010	LLOQ
1725	A3	40	A1	LSD0040.039	LLOQ

[0744]

삽입 1		삽입 2			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	활성
1725	A3	18	A1	LSD0040.052	+
1720	A3	403	A2	LSD0041.001	+
1720	A3	399	A2	LSD0041.004	LLOQ
1711	A3	403	A2	LSD0041.006	LLOQ
1720	A3	403	A2	LSD0041.008	LLOQ
1725	A3	403	A2	LSD0041.010	LLOQ
1725	A3	403	A2	LSD0041.014	LLOQ
1725	A3	399	A2	LSD0041.016	LLOQ
1711	A3	403	A2	LSD0041.035	LLOQ
1900	A3	399	A2	LSD0043.001	LLOQ
1900	A3	403	A2	LSD0043.002	LLOQ
1905	A3	403	A2	LSD0043.005	LLOQ
1900	A3	399	A2	LSD0043.006	LLOQ
1900	A3	403	A2	LSD0043.007	LLOQ
1900	A3	403	A2	LSD0043.008	LLOQ
1905	A3	399	A2	LSD0043.015	LLOQ
1905	A3	403	A2	LSD0043.029	LLOQ
1910	A3	403	A2	LSD0043.043	LLOQ

표 25

3 개의 XTEN 을 포함하는 CFXTEN 에 대한 응고 활성 검정의 결과

삽입 1		삽입 2		삽입 3			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	활성
26	A1	403	A2	1656	A3	pSD0077	+++
26	A1	403	A2	1720	A3	pSD0078	++
26	A1	403	A2	1900	A3	pSD0079	++
26	A1	1656	A3	1720	A3	pSD0080	+++
26	A1	1656	A3	1900	A3	pSD0081	LLOQ
26	A1	1720	A3	1900	A3	pSD0082	+
403	A2	1656	A3	1720	A3	pSD0083	+++
403	A2	1656	A3	1900	A3	pSD0084	+++
403	A2	1720	A3	1900	A3	pSD0085	+
1656	A3	1720	A3	1900	A3	pSD0086	+++
18	A1	745	B	2332	CT	LSD0049.002	+++
26	A1	745	B	2332	CT	LSD0049.008	+++
26	A1	745	B	2332	CT	LSD0049.011	+++
40	A1	745	B	2332	CT	LSD0049.012	+++
40	A1	745	B	2332	CT	LSD0049.020	+++
18	A1	745	B	2332	CT	LSD0049.021	+++
40	A1	745	B	2332	CT	LSD0050.002	+++
18	A1	745	B	2332	CT	LSD0050.003	+++
26	A1	745	B	2332	CT	LSD0050.007	LLOQ
18	A1	745	B	2332	CT	LSD0050.010	+++
26	A1	745	B	2332	CT	LSD0050.012	+++
40	A1	745	B	2332	CT	LSD0050.014	+++
403	A2	745	B	2332	CT	LSD0051.002	+++
399	A2	745	B	2332	CT	LSD0051.003	+++
403	A2	745	B	2332	CT	LSD0052.001	+++
399	A2	745	B	2332	CT	LSD0052.003	+++
1725	A3	745	B	2332	CT	LSD0053.021	LLOQ
1720	A3	745	B	2332	CT	LSD0053.022	+++
1711	A3	745	B	2332	CT	LSD0053.024	+++
1720	A3	745	B	2332	CT	LSD0054.021	+++
1711	A3	745	B	2332	CT	LSD0054.025	++
1725	A3	745	B	2332	CT	LSD0054.026	+++
1900	A3	745	B	2332	CT	LSD0055.021	+++
1905	A3	745	B	2332	CT	LSD0055.022	+++
1900	A3	745	B	2332	CT	LSD0055.026	+++
1900	A3	745	B	2332	CT	LSD0056.021	+++
1900	A3	745	B	2332	CT	LSD0056.024	+++
1910	A3	745	B	2332	CT	LSD0056.025	+++
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0294*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0295*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0296*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0297*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0298*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0299*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0300*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0301*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0302*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0303*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0304*	

[0745]

삽입 1		삽입 2		삽입 3			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	활성
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0305*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0306*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0307*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0308*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0309*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0310*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0311*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0312*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0313*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0314*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0315*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0316*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0317*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0318*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0319*	
0745	B	1900	A3	2332	CT	pBC0320*	
0018	A1	0745	B	2332	CT	pBC0269*	
0403	A2	0745	B	2332	CT	pBC0270*	
1720	A3	0745	B	2332	CT	pBC0271*	
1900	A3	0745	B	2332	CT	pBC0272*	
0403	A2	0745	B	2332	CT	pBC0273*	
1720	A3	0745	B	2332	CT	pBC0274*	
1900	A3	0745	B	2332	CT	pBC0275*	
0018	A1	0745	B	2332	CT	pBC0276*	
0403	A2	0745	B	2332	CT	pBC0277*	
1720	A3	0745	B	2332	CT	pBC0278*	
1900	A3	0745	B	2332	CT	pBC0279*	

[0746] * R1648A 돌연변이를 갖는 작제물

표 26

3 개의 XTEN 을 포함하는 CFXTEN 에 대한 응고 활성 검정의 결과

XTEN 삽입체 1	XTEN 삽입체 2	XTEN 삽입체 3	XTEN 삽입체 4	XTEN 삽입체 5	XTEN 삽입체 6	작제물 번호	활성
26	403	1656	1720	-	-	pSD0087	+++
26	403	1656	1900	-	-	pSD0088	+++
26	403	1720	1900	-	-	pSD0089	LLOQ
26	1656	1720	1900	-	-	pSD0090	++
403	1656	1720	1900	-	-	pSD0091	++
0040	0403	745	2332	-	-	LSD0058.006*	++
0018	0409	745	2332	-	-	LSD0059.002*	+
0040	0409	745	2332	-	-	LSD0059.006*	+
0040	0409	745	2332	-	-	LSD0060.001*	+
0018	0409	745	2332	-	-	LSD0060.003*	+
0040	1720	745	2332	-	-	LSD0061.002*	+
0026	1720	745	2332	-	-	LSD0061.007*	++
0018	1720	745	2332	-	-	LSD0061.008*	++
0018	1720	745	2332	-	-	LSD0061.012*	++
0018	1720	745	2332	-	-	LSD0062.001*	++
0026	1720	745	2332	-	-	LSD0062.002*	++
0018	1720	745	2332	-	-	LSD0062.006*	++
0018	1900	745	2332	-	-	LSD0063.001*	++
0018	1900	745	2332	-	-	LSD0064.017*	++
0026	1900	745	2332	-	-	LSD0064.020*	++
0040	1900	745	2332	-	-	LSD0064.021*	++
0040	1905	745	2332	-	-	LSD0065.001*	+
0018	1905	745	2332	-	-	LSD0065.014*	+
0040	1905	745	2332	-	-	LSD0066.001*	+
0026	1905	745	2332	-	-	LSD0066.002*	+
0018	1905	745	2332	-	-	LSD0066.009*	++
0018	1905	745	2332	-	-	LSD0066.011*	++
0018	1910	745	2332	-	-	LSD0067.004*	++
0018	1910	745	2332	-	-	LSD0067.005*	+
0040	1910	745	2332	-	-	LSD0067.006*	+
0026	1910	745	2332	-	-	LSD0067.008*	+
0018	1910	745	2332	-	-	LSD0068.001*	+
0026	1910	745	2332	-	-	LSD0068.002*	+
0040	1910	745	2332	-	-	LSD0068.005*	+
0018	1910	745	2332	-	-	LSD0068.010*	++
0409	1720	745	2332	-	-	LSD0069.004*	+
0403	1720	745	2332	-	-	LSD0069.008*	+
0409	1720	745	2332	-	-	LSD0070.003*	+
0403	1720	745	2332	-	-	LSD0070.004*	++
0403	1720	745	2332	-	-	LSD0070.005*	++

[0747]

0403	1900	745	2332	-	-	LSD0071.001*	++
0403	1900	745	2332	-	-	LSD0071.002*	+
0409	1900	745	2332	-	-	LSD0071.008*	++
0403	1900	745	2332	-	-	LSD0072.001*	++
0403	1900	745	2332	-	-	LSD0072.002*	+
0409	1900	745	2332	-	-	LSD0072.003*	+
0409	1905	745	2332	-	-	LSD0073.002*	+
0403	1905	745	2332	-	-	LSD0073.004*	+
0403	1905	745	2332	-	-	LSD0073.006*	+
0403	1905	745	2332	-	-	LSD0074.007*	++
0409	1905	745	2332	-	-	LSD0074.010*	+
0403	1905	745	2332	-	-	LSD0074.011*	+
0409	1910	745	2332	-	-	LSD0075.004*	+
0403	1910	745	2332	-	-	LSD0075.007*	+
0403	1910	745	2332	-	-	LSD0076.002*	+
0403	1910	745	2332	-	-	LSD0076.003*	+
0403	1910	745	2332	-	-	pSD0093*	+
1720	1900	745	2332	-	-	pSD0094*	++
1720	1905	745	2332	-	-	pSD0095*	+
1720	1910	745	2332	-	-	pSD0097*	+
1720	1910	745	2332	-	-	pSD0098*	+
0403	1656	1720	2332	-	-	pNL0022	+
0403	1656	1900	2332	-	-	pNL0023	+
0403	1720	1900	2332	-	-	pNL0024	LLOQ
1656	1720	1900	2332	-	-	pNL0025	+
0018	0403	1656	2332	-	-	pBC0247	++
0018	0403	1720	2332	-	-	pBC0248	+
0018	0403	1900	2332	-	-	pBC0249	+
0018	1656	1720	2332	-	-	pBC0250	+
0018	1656	1900	2332	-	-	pBC0251	++
0018	1720	1900	2332	-	-	pBC0252	LLOQ
0018	0403	0745	2332	-	-	LSD57.005	++
0018	0745	1720	2332	-	-	LSD62.001	++
0018	0745	1900	2332	-	-	pBC0262	++
0403	0745	1720	2332	-	-	LSD70.004	+
0403	0745	1900	2332	-	-	pBC0266	+
0745	1720	1900	2332	-	-	pBC0268	+
0188	1900	0745	2332	-	-	pCS0001*	ND
0599	1900	0745	2332	-	-	pCS0002*	ND
2068	1900	0745	2332	-	-	pCS0003*	ND
2171	1900	0745	2332	-	-	pCS0004*	ND

[0748]

2227	1900	0745	2332	-	-	pCS0005*	ND
2277	1900	0745	2332	-	-	pCS0006*	ND
0403	1656	1720	1900	2332	-	pNL0030	LLOQ
0018	0403	1656	1720	2332	-	pBC0253	+
0018	0403	1656	1900	2332	-	pBC0254	+
0018	0403	1720	1900	2332	-	pBC0255	LLOQ
0018	1656	1720	1900	2332	-	pBC0256	+
0018	0403	0745	1720	2332	-	pBC0259*	+
0018	0403	0745	1900	2332	-	pBC0260*	+
0018	0745	1720	1900	2332	-	pBC0263	+
0403	0745	1720	1900	2332	-	pBC0267	LLOQ
0018	0403	1656	1720	1900	2332	pBC0257	LLOQ
0018	0403	0745	1720	1900	2332	pBC0264	LLOQ

[0749] * R1648A 돌연변이를 갖는 작제물

[0750] **실시예 26: XTEN 반경 및 관련 매개변수의 결정**

[0751] CFXTEN 융합 단백질의 XTEN 성분의 유체 역학 반경 및 단일 XTEN에 대한 다수의 XTEN의 값이 어떻게 변하는지를

정량화하기 위해, 하나 이상의 XTEN을 포함하는 다양한 융합 단백질의 크기 배제 크로마토그래피 검정으로부터 경험상 도출된 데이터에 기초하여 일련의 제제를 생성한다. CFXTEN으로의 다수의 XTEN의 편입이 더 적은 XTEN을 갖지만 대략 동일한 전체 XTEN 아미노산을 갖는 CFXTEN과 비교하여 XTEN 성분의 더 높은 전체 유체 역학 반경을 제공한다고 생각된다. 단일 XTEN 폴리펩타이드의 최대 반경을 하기 방정식 II로 제공된 식에 따라 계산한다(이하 "XTEN 반경"):

[0752] $$\text{XTEN 반경} = (\sqrt{\text{XTEN 길이}}\ 0.2037) + 3.4627 \qquad \text{II}$$

[0753] CFXTEN에서 모든 XTEN 분절에 대한 XTEN 반경의 최대의 합(이하 "XTEN 반경 합계")을 하기 방정식 III에 의해 제공된 식에 따라 계산한다:

[0754] $$\text{XTEN 반경 합계} = \sum_{i=1}^{n} XTEN\ 반경_i \qquad \text{III}$$

[0755] 식 중, n = XTEN 분절의 수이고,

[0756] i는 반복자이다.

[0757] 다른 실시형태에서, 다수의 XTEN을 포함하는 CFXTEN의 XTEN 반경 합계 대 동일 길이의 단일 XTEN에 대한 (CFXTEN의 잔기에 대한 전체 아미노산 잔기의) XTEN 반경 합계의 비율(이하 "XTEN 반경 비율")을 하기 방정식 IV에 의해 제공된 식에 따라 계산한다:

[0758] $$\text{XTEN 반경 비율} = \frac{\sum_{i=1}^{n} XTEN\ 반경_i}{\left(\sqrt{\sum_{i=1}^{n} XTEN\ 길이_i}\ * 0.2037\right) + 3.4627} \qquad \text{IV}$$

[0759] 식 중, n = XTEN 분절의 수이고,

[0760] i는 반복자이다.

[0761] 결과: 방정식 II를 144, 288, 576 및 864 길이의 XTEN에 적용한다. 결과는 표 27에 제시되어 있다. 방정식 IV를 2개, 3개 또는 4개의 XTEN을 갖는 본 명세서에 기재된 다양한 CFXTEN 융합 단백질에 적용한다. XTEN 반경 비율은 단일 XTEN을 포함하는 모든 CFXTEN에 대해 1의 값을 갖는다. XTEN 반경 비율은 표 28에 제시되어 있다. 5개의 XTEN 삽입을 포함하는 pSD0092에 대한 XTEN 반경 비율은 3.31의 값을 갖는다. 총체적으로, 이 결과는 다수의 XTEN의 포함이 XTEN 반경 비율을 2보다 큰 값으로 증가시키고, 4개의 삽입이 3개의 삽입보다 큰 값을 발생시킨다는 것을 나타낸다.

표 27

XTEN 을 포함하는 CFXTEN 에 대한 반경 계산의 결과

[0762]

XEN 길이	XTEN 반경
42	4.8
144	5.9
288	6.9
576	8.4
864	9.5

표 28

XTEN 을 포함하는 CFXTEN 에 대한 반경 계산의 결과

삽입 1		삽입 2		삽입 3		삽입 4			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	XTEN 반경 비율
40	A1							pBC0166	1.00
745	B	2332	CT					LSD0001.002	1.67
745	B	2332	CT					LSD0001.005	1.71
745	B	2332	CT					LSD0001.006	1.71
745	B	2332	CT					LSD0001.011	1.71
745	B	2332	CT					LSD0001.012	1.71
745	B	2332	CT					LSD0001.013	1.67
745	B	2332	CT					LSD0001.016	1.67
745	B	2332	CT					LSD0001.021	1.67
745	B	2332	CT					LSD0002.001	1.67
745	B	2332	CT					LSD0002.002	1.67
745	B	2332	CT					LSD0002.004	1.71
745	B	2332	CT					LSD0002.008	1.67
745	B	2332	CT					LSD0002.014	1.67
745	B	2332	CT					LSD0003.001	1.67
745	B	2332	CT					LSD0003.004	1.66
745	B	2332	CT					LSD0003.006	1.67
745	B	2332	CT					LSD0003.009	1.67
745	B	2332	CT					LSD0003.014	1.66
745	B	2332	CT					LSD0003.018	1.67
745	B	2332	CT					LSD0004.010	1.66
745	B	2332	CT					LSD0004.011	1.67
745	B	2332	CT					LSD0004.014	1.66
745	B	2332	CT					LSD0004.016	1.66
745	B	2332	CT					LSD0004.022	1.66
745	B	2332	CT					LSD0003.016	1.67
26	A1	403	A2					LSD0005.002	1.71
26	A1	403	A2					LSD0005.004	1.71
40	A1	403	A2					LSD0005.005	1.71
40	A1	403	A2					LSD0005.011	1.71
18	A1	403	A2					LSD0005.018	1.71
26	A1	599	A2					LSD0006.002	1.71
40	A1	599	A2					LSD0006.005	1.71
40	A1	599	A2					LSD0006.007	1.71
40	A1	599	A2					LSD0006.011	1.71
40	A1	403	A2					LSD0007.002	1.71
40	A1	403	A2					LSD0007.004	1.71
26	A1	403	A2					LSD0007.013	1.71
26	A1	599	A2					LSD0008.001	1.71
40	A1	599	A2					LSD0008.002	1.71
26	A1	599	A2					LSD0008.006	1.71
18	A1	599	A2					LSD0008.009	1.71
40	A1	599	A2					LSD0008.017	1.71
745	B	2332	CT					LSD0002.025	1.71
745	B	2332	CT					LSD0002.013	1.67
745	B	2332	CT					LSD0003.025	1.67
745	B	2332	CT					LSD0004.025	1.67
745	B	2332	CT					LSD0003.005	1.66
26	A1	403	A2					LSD0007.008	1.71

[0763]

[0764]

삽입 1		삽입 2		삽입 3		삽입 4			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	XTEN 반경 비율
1720	A3	1900	A3					LSD0044.002	1.71
1725	A3	1900	A3					LSD0044.005	1.71
1720	A3	1900	A3					LSD0044.039	1.71
1711	A3	1905	A3					LSD0044.022	1.71
1720	A3	1905	A3					LSD0044.003	1.71
1725	A3	1905	A3					LSD0044.001	1.71
1656	A3	26	A1					LSD0038.001	1.71
1656	A3	18	A1					LSD0038.003	1.71
1656	A3	18	A1					LSD0038.008	1.71
1656	A3	40	A1					LSD0038.012	1.71
1656	A3	40	A1					LSD0038.013	1.71
1656	A3	26	A1					LSD0038.015	1.71
1656	A3	399	A2					LSD0039.001	1.71
1656	A3	403	A2					LSD0039.003	1.71
1656	A3	403	A2					LSD0039.010	1.71
1656	A3	1725	A3					LSD0045.001	1.71
1656	A3	1720	A3					LSD0045.002	1.71
1900	A3	18	A1					LSD0042.014	1.71
1900	A3	18	A1					LSD0042.023	1.71
1900	A3	26	A1					LSD0042.006	1.71
1900	A3	26	A1					LSD0042.013	1.71
1900	A3	40	A1					LSD0042.001	1.71
1900	A3	40	A1					LSD0042.039	1.71
1900	A3	26	A1					LSD0042.047	1.71
1905	A3	18	A1					LSD0042.003	1.71
1905	A3	40	A1					LSD0042.004	1.71
1905	A3	26	A1					LSD0042.008	1.71
1905	A3	26	A1					LSD0042.038	1.71
1905	A3	40	A1					LSD0042.082	1.71
1910	A3	26	A1					LSD0042.040	1.71
18	A1	399	A2					LSD0037.002	1.71
26	A1	399	A2					LSD0037.009	1.71
40	A1	399	A2					LSD0037.011	1.71
18	A1	403	A2					LSD0047.002	1.71
18	A1	403	A2					LSD0047.005	1.71
18	A1	403	A2					LSD0048.007	1.71
1656	A3	1900	A3					LSD0046.001	1.71
1656	A3	1900	A3					LSD0046.002	1.71
1656	A3	1905	A3					LSD0046.003	1.71
1711	A3	40	A1					LSD0040.011	1.71
1711	A3	26	A1					LSD0040.042	1.71
1720	A3	26	A1					LSD0040.002	1.71
1720	A3	40	A1					LSD0040.008	1.71
1720	A3	18	A1					LSD0040.021	1.71
1720	A3	26	A1					LSD0040.037	1.71
1720	A3	18	A1					LSD0040.046	1.71
1725	A3	26	A1					LSD0040.003	1.71
1725	A3	40	A1					LSD0040.006	1.71
1725	A3	26	A1					LSD0040.007	1.71
1725	A3	18	A1					LSD0040.010	1.71

삽입 1		삽입 2		삽입 3		삽입 4			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	XTEN 반경 비율
1725	A3	40	A1					LSD0040.039	1.71
1725	A3	18	A1					LSD0040.052	1.71
1720	A3	403	A2					LSD0041.001	1.71
1720	A3	399	A2					LSD0041.004	1.71
1711	A3	403	A2					LSD0041.006	1.71
1720	A3	403	A2					LSD0041.008	1.71
1725	A3	403	A2					LSD0041.010	1.71
1725	A3	403	A2					LSD0041.014	1.71
1725	A3	399	A2					LSD0041.016	1.71
1711	A3	403	A2					LSD0041.035	1.71
1900	A3	399	A2					LSD0043.001	1.71
1900	A3	403	A2					LSD0043.002	1.71
1905	A3	403	A2					LSD0043.005	1.71
1900	A3	399	A2					LSD0043.006	1.71
1900	A3	403	A2					LSD0043.007	1.71
1900	A3	403	A2					LSD0043.008	1.71
1905	A3	399	A2					LSD0043.015	1.71
1905	A3	403	A2					LSD0043.029	1.71
1910	A3	403	A2					LSD0043.043	1.71
26	A1	403	A2	1656	A3			pSD0077	2.30
26	A1	403	A2	1720	A3			pSD0078	2.30
26	A1	403	A2	1900	A3			pSD0079	2.30
26	A1	1656	A3	1720	A3			pSD0080	2.30
26	A1	1656	A3	1900	A3			pSD0081	2.30
26	A1	1720	A3	1900	A3			pSD0082	2.30
403	A2	1656	A3	1720	A3			pSD0083	2.30
403	A2	1656	A3	1900	A3			pSD0084	2.30
403	A2	1720	A3	1900	A3			pSD0085	2.30
1656	A3	1720	A3	1900	A3			pSD0086	2.30
26	A1	403	A2	1656	A3	1720	A3	pSD0087	2.83
26	A1	403	A2	1656	A3	1900	A3	pSD0088	2.83
26	A1	403	A2	1720	A3	1900	A3	pSD0089	2.83
26	A1	1656	A3	1720	A3	1900	A3	pSD0090	2.83
403	A2	1656	A3	1720	A3	1900	A3	pSD0091	2.83
26	A1	403	A2	1656	A3	1720	A3	pSD0092	2.83
18	A1	745	B	2332	CT			LSD0049.002	2.24
26	A1	745	B	2332	CT			LSD0049.008	2.24
26	A1	745	B	2332	CT			LSD0049.011	2.24
40	A1	745	B	2332	CT			LSD0049.012	2.24
40	A1	745	B	2332	CT			LSD0049.020	2.24
18	A1	745	B	2332	CT			LSD0049.021	2.24
40	A1	745	B	2332	CT			LSD0050.002	2.24
18	A1	745	B	2332	CT			LSD0050.003	2.24
26	A1	745	B	2332	CT			LSD0050.007	2.24
18	A1	745	B	2332	CT			LSD0050.010	2.24
26	A1	745	B	2332	CT			LSD0050.012	2.24
40	A1	745	B	2332	CT			LSD0050.014	2.24
403	A2	745	B	2332	CT			LSD0051.002	2.24
399	A2	745	B	2332	CT			LSD0051.003	2.24
403	A2	745	B	2332	CT			LSD0052.001	2.24

[0765]

삽입 1		삽입 2		삽입 3		삽입 4			
삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	삽입 자리	도메인	작제물	XTEN 반경 비율
399	A2	745	B	2332	CT			LSD0052.003	2.24
1725	A3	745	B	2332	CT			LSD0053.021	2.24
1720	A3	745	B	2332	CT			LSD0053.022	2.24
1711	A3	745	B	2332	CT			LSD0053.024	2.24
1720	A3	745	B	2332	CT			LSD0054.021	2.24
1711	A3	745	B	2332	CT			LSD0054.025	2.24
1725	A3	745	B	2332	CT			LSD0054.026	2.24
1900	A3	745	B	2332	CT			LSD0055.021	2.24
1905	A3	745	B	2332	CT			LSD0055.022	2.24
1900	A3	745	B	2332	CT			LSD0055.026	2.24
1900	A3	745	B	2332	CT			LSD0056.021	2.24
1900	A3	745	B	2332	CT			LSD0056.024	2.24
1910	A3	745	B	2332	CT			LSD0056.025	2.24

[0766]

[0767] **실시예 27: 항-FVIII 항체에 대한 FVIII-XTEN의 결합 간섭**

[0768] 샌드위치 ELISA 검정에 의해 항-FVIII 항체의 결합에 영향을 미치는 CFXTEN 융합 단백질의 상이한 위치에서 삽입된 XTEN의 능력을 결정한다. A2 및 C2 도메인에 결합하는 2개의 항-FVIII 항체; 즉 GMA-8021(그린 마운틴 안티바디즈, 미국 버몬트주 벌링턴 소재) 및 ESH8(어메리칸 다이그노스티카 인크.(American Diagnostica Inc.), 미국 코네티컷주 스탬포드 소재)을 각각 포획 항체로서 사용한다. XTEN 비함유 FVIII-His-Myc 단백질을 모든 ELISA에 대해 보정 표준품 및 양성 대조군으로서 사용한다. His 및 Myc 친화도 태그를 추가로 포함하는 A1, A2 또는 A3 도메인에서의 단일 XTEN 삽입을 갖는 10개의 CFXTEN 융합 단백질을 생성한다. 각각의 시험 샘플의 단백질 농도를 항-FVIII 항체 포획-항-Myc 검출 ELISA와 동일한 플레이트에서 동시에 실행되는 항-His 포획-항-Myc 검출 ELISA에 기초하여 100%로 정규화한다.

[0769] 간단히 말하면, 96웰 플레이트에서의 적절한 웰을 4℃에서 GMA-8021, ESH8 또는 항-His 항체로 밤새 코팅하고, 이후 세척하고 BSA로 차단한다. 동일 용적의 각각의 대조군 또는 융합 단백질을 이중 웰에 도입하고 실온에서 2시간 동안 코팅된 GMA-8021, ESH8 또는 항-His 항체와 상호작용하도록 한다. 항온처리 후, 비결합 재료를 세척하고 래빗 항-Myc 검출 항체를 첨가하고 추가 시간 동안 실온에서 항온처리한다. 이후, 플레이트를 세척하고 퍼옥시다제 접합 당나귀 항-래빗 2차 항체를 도입하고 실온에서 1시간 동안 항온처리한다. 플레이트를 다시 세척한 후, TMB 기질을 첨가하고 반응이 5-20분 동안 진행되게 한다. H2SO4를 도입하여 반응을 중지시키고 흡광도를 450㎚에서 분광광도계에 의해 판독한다.

[0770] 결과: 결과는 표 29에 제시되어 있다. 총체적으로, 이 결과는 항-FVIII 포획 항체가 GMA-8021일 때 (A2 도메인에 대한 결합 친화도를 가지면서) A2 도메인으로 삽입된 XTEN을 갖는 CFXTEN 융합 단백질에 대한 2개의 항체가 A1 또는 A3 도메인으로 삽입된 XTEN을 갖는 CFXTEN과 비교하여 FVIII의 결합 감소를 나타낸다는 것을 나타낸다. 반대로, 항-FVIII 포획 항체가 ESH8일 때, C2 도메인에 대한 결합 친화도를 가지면서, 임의의 CFXTEN에 의한 결합의 억제 또는 증대의 식별 가능한 패턴이 존재하지 않는다.

표 29

항-FVIII 항체에 대한 FVIII-XTEN 의 결합 방해

시험된 샘플	XTEN 삽입 (도메인, 자리, XTEN)	aFVIII/Myc 에 대한 농도 ÷ aHis/Myc 에 대한 농도		
		His/Myc	GMA-8021/Myc(A2 도메인)	ESH8/Myc (C2 도메인)
FVIII-His-Myc	없음	100%	92%	104%
FVIII-XTEN-His-Myc	A2, 403, AE144	100%	103% ± 1%	141% ± 24%
	A2, 403, AG144	100%	104% ± 6%	129% ± 12%
	A2, 399, AE144	100%	100% ± 8%	140% ± 18%
	A3, 1656, AG144	100%	153%	158%
	A1, 18, AE144	100%	129%	130%
	A1, 18, AG144	100%	150%	131%
	A1, 26, AE144	100%	155%	87%
	A1, 26, AG144	100%	157%	147%
	A1, 40, AE144	100%	137%	147%
	A1, 40, AG144	100%	164% ± 0%	153% ± 18%

aFVIII/Myc = GMA-8021/Myc 또는 ESH8/Myc 항체 조건; aHis/Myc = 항-His/Myc 항체 조건

[0771]

[0772] **실시예 28: FVIII 억제제의 존재 하의 CFXTEN 융합 단백질의 활성 검정**

[0773] 억제제 시험 적정 절차:

[0774] FVIII 응고촉진 활성을 억제하는 선택 항체를 상업용 공급처로부터 구입한다. 항체 표적은 FVIII의 도메인(예를 들면, A2, A3, C1, C2)을 선택하고 FVIII 의존적 응고촉진 활성을 억제한다. 검정에서 사용되는 FVIII 억제제의 최적 농도를 확립하기 위해, 37℃에서 2시간 동안 항온처리된 다양한 양의 각각의 억제 항체와 함께 His/Myc 이중 태그를 갖는 야생형 FVIII를 발현하는 기본 벡터, 및 항체 및 적어도 하나의 CFXTEN 융합 단백질을 갖는 제2 샘플을 사용하여 초기 적정 실험을 수행한다. 이후, 샘플을 응고 검정에서 이용하여 FVIII 활성을 결정한다. 본 명세서에 기재된 코아테스트 검정 절차에 의해 활성을 측정한다. 각각의 항체에 대해 개별적으로 FVIII 활성의 최적 억제를 발생시키는 농도를 결정한다.

[0775] 억제제 시험 절차:

[0776] 이후, 시험 샘플의 검정을 위해 이의 최적 농도에서 FVIII 억제제 항체를 사용한다. CFXTEN 및 양성 대조군 샘플을 개별적으로 37℃에서 2시간 동안 각각의 항체와 항온처리하고, 이후 샘플을 수집하고, 비처리 분취량의 CFXTEN 및 양성 대조군과 함께 코아테스트 활성 검정에서 사용한다. 몇몇 경우에, 있다면, R1648A 돌연변이를 갖는 CFXTEN 작제물을 시험하여, FVIII 활성의 보유에 의해 측정되는 억제제에 대한 내성에 대한 이 돌연변이의 효과를 결정한다.

[0777] 결과:

[0778] 적정 실험의 결과는 도 26에 도시되어 있다. 데이터는 FVIII 양성 대조군과 비교하여 CFXTEN LSD0049.002의 응고촉진 활성을 50% 수준으로 감소시키는 데 필요한 항체의 양의 대략 0.7 차수의 양의 오른쪽 이동을 나타내고, 이는 (BDD-FVIII의 18번, 745번 및 2332번 아미노산 잔기에 상응하는 삽입점에서의) 3개의 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN이 FVIII과 비교하여, 응고 활성의 보유에서 반영된 것처럼, 항체와 더 낮은 결합을 갖는다는 것을 나타낸다.

[0779] 코아테스트 검정의 결과는 각각 FVIII 억제제 항체 GMA8008 및 GMA8021에 대해 표 30 및 표 31에 제시되어 있다. 시험된 모든 비처리 CFXTEN 융합 단백질 작제물은 pBC00114 FVIII 양성 대조군이 그런 것처럼 응고촉진 활성을 나타낸다. FVIII 억제제 항체와 예비 항온처리된 양성 대조군 샘플은 C2 도메인에 대한 GMA8008 항체로 처리된 대부분의 CFXTEN 작제물이 그러한 것처럼 비처리 샘플에 비해 0.05-0.15(5-15%)로 측정된 응고 활성을 급격히 감소시킨다. 그러나, 3개의 CFXTEN 융합 단백질은 각각 3개의 XTEN 삽입체를 갖는 LSD0049.020, LSD0053.024 및 LSD0056.025의 FVIII 대조군과 비교하여 상대 잔여 활성의 적어도 2배를 보유한다.

[0780] CFXTEN 샘플은 미처리 샘플과 비교하여 A2 도메인에 대한 GMA8021 항체로 더 낮은 정도의 억제를 나타내고, 이는 추가로 추가의 수의 XTEN 삽입체에 의해 감소된다(표 30에 기재된 도표된 데이터). 도 29는 삽입된 XTEN의 수와 FVIII 대조군의 억제에 비해 GMA8021 항체에 대한 억제 감소 사이의 선형 관계식을 나타내는 보유 활성의 대조군에 대한 비율의 중앙 값의 그래프를 나타낸다. 유사하게, 대조군 값에 대한 비율에 대한 평균±S.E.는 1개의 XTEN의 경우 2.26±0.12이고, 2개의 XTEN의 경우 3.48±0.26이고, 3개의 XTEN 삽입의 경우 5.70±0.29이다. GMA8021 항체로 처리된 적어도 3개의 XTEN 삽입체를 갖는 CFTXEN은 FVIII 대조군과 비교하여 적어도 4.5 내지 9.2배 더 높은 FVIII 활성 보유를 갖는다. 또한, 3개의 XTEN 삽입을 갖는 이 CFXTEN에서, 임의의 2개의 삽입 사이의 (아미노산 잔기의 수에서) 더 높은 정도의 분리를 갖는 작제물은 예를 들면 B 도메인의 C 말단 측면에서 더 가깝게 클러스터 형성된 삽입과 비교하여 더 높은 정도의 응고촉진 활성 및 이에 따른 FVIII 억제제 항체에 의한 더 낮은 결합을 발생시키는 것으로 보인다. R1648A 돌연변이를 갖는 작제물의 검정 결과는 돌연변이가 없는 것과 필적하는 것으로 보인다.

[0781] 결론: 이 결과는, 실험 조건 하에, FVIII로의 XTEN의 삽입이 응고촉진 활성을 보유하면서 FVIII 억제제에 의한 결합에 보호를 발생시키고, 다수의 XTEN 삽입체의 포함이 특히 A2 도메인 억제제 항체에 내성을 증가시킨다는 것을 지지한다. 마지막으로, XTEN 삽입체 사이의 공간 분리를 가짐으로써 효과적인 것으로 보인다.

표 30

C2 도메인에 대한 항체 GMA8008 로 처리된 CFXTEN 에 의한 응고 검정의 결과

작제물 명칭	상대 잔여 활성	대조군에 대한 비율	XTEN 삽입 1	XTEN 삽입 2	XTEN 삽입 3	돌연변이
pBC0114 CT	0.05-0.15	1				
pBC0149	0.1	0.8	0745_AE42_1			
pSD0045	0.3	1.1	0018_AE144_5A			
pSD0046	0.3	1.0	0018_AG144_F			
pSD0050	0.2	0.9	0026_AG144_F			
pSD0051	0.3	1.3	0040_AE144_5A			
pSD0052	0.2	1.0	0040_AG144_F			
pSD0001	0.2	0.9	0403_AE144_2A			
pBC0136	0.2	1.2	0745_AE288_1			
pBC0137	0.2	1.1	0745_AE288_1			R1648A
pSD0013	0.1	0.9	2332_AE144_6B			
pSD0014	0.1	0.8	2332_AG144_1			
pBC0145	0.1	0.6	2332_AE288_1			
pSD0019	0.1	0.5	2332_AE288_1			
pBC0146	0.1	0.7	2332_AG288_1			
pSD0015	0.1	0.8	2332_AE864			
LSD0038.008	0.1	0.9	0018_AG144_F	1656_AG144_C		
LSD0038.013	0.1	0.6	0040_AG144_F	1656_AG144_C		
LSD003.09	0.1	0.9	0745_AE144_3B	2332_AE288_1		
LSD003.06	0.0	0.8	0745_AE144_3B	2332_AE288_1		R1648A
LSD0046.001	0.0	0.6	1656_AG144_C	1900_AG144_C		
PSD077	0.1	1.0	0026_AG144_F	0403_AE144_2A	1656_AG144_C	
PSD080	0.1	1.0	0026_AG144_F	1656_AG144_C	1720_AG144_C	
PSD083	0.1	0.8	0403_AE144_2A	1656_AG144_C	1720_AG144_C	
PSD084	0.1	0.9	0403_AE144_2A	1656_AG144_C	1900_AE144_4A	
LSD0050.010	0.1	0.7	0018_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0049.021	0.0	0.6	0018_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.002	0.1	0.9	0018_AG144_F	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.008	0.1	0.9	0026_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.011	0.1	0.9	0026_AG144_F	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.020	0.2	2.6	0040_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0050.002	0.0	0.2	0040_AG144_F	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0053.024	0.2	2.5	1711_AE144_4A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0054.021	0.2	1.5	1720_AG144_C	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0055.021	0.2	1.6	1900_AE144_4A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0056.021	0.2	1.6	1900_AG144_C	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0056.025	0.3	2.0	1910_AG144_C	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	

상응하는 미처리 샘플에 대해 잔여 활성의 비율

[0782] FVIII pBC0114 양성 대조군과 비교하여 (그 자체의 대조군에 비해) 상대 잔여 활성의 비율

표 31

A2 도메인에 대한 항체 GMA8021로 처리된 CFXTEN에 의한 응고 검정의 결과

작제물 명칭	상대 잔여 활성	대조군에 대한 비율	XTEN 삽입 1	XTEN 삽입 2	XTEN 삽입 3	돌연변이
pBC0114	0.05-0.15	1				
pBC0149	0.2	1.3	0745_AE42_1			
pSD0045	0.3	2.7	0018_AE144_5A			
pSD0046	0.2	2.1	0018_AG144_F			
pSD0050	0.2	2.4	0026_AG144_F			
pSD0051	0.3	3.1	0040_AE144_5A			
pSD0052	0.3	2.7	0040_AG144_F			
pSD0001	0.2	1.6	0403_AE144_2A			
pBC0136	0.3	2.4	0745_AE288_1			
pBC0137	0.3	2.4	0745_AE288_1			R1648A
pSD0013	0.2	1.8	2332_AE144_6B			
pSD0014	0.2	2.1	2332_AG144_1			
pBC0145	0.3	2.1	2332_AE288_1			
pSD0019	0.3	2.3	2332_AE288_1			
pBC0146	0.3	2.1	2332_AG288_1			
pSD0015	0.3	2.8	2332_AE864			
LSD0038.008	0.4	3.0	0018_AG144_F	1656_AG144_C		
LSD0038.013	0.4	3.0	0040_AG144_F	1656_AG144_C		
LSD003.09	0.3	3.6	0745_AE144_3B	2332_AE288_1		
LSD003.06	0.3	3.4	0745_AE144_3B	2332_AE288_1		R1648A
LSD0046.001	0.2	4.4	1656_AG144_C	1900_AG144_C		
PSD077	0.4	5.8	0026_AG144_F	0403_AE144_2A	1656_AG144_C	
PSD080	0.4	5.7	0026_AG144_F	1656_AG144_C	1720_AG144_C	
PSD083	0.3	5.0	0403_AE144_2A	1656_AG144_C	1720_AG144_C	
PSD084	0.3	4.5	0403_AE144_2A	1656_AG144_C	1900_AE144_4A	
LSD0050.010	0.4	6.7	0018_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0049.021	0.4	6.7	0018_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.002	0.5	9.2	0018_AG144_F	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.008	0.4	5.9	0026_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.011	0.4	5.6	0026_AG144_F	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0049.020	0.3	5.0	0040_AE144_5A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0050.002	0.3	6.2	0040_AG144_F	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0053.024	0.3	4.5	1711_AE144_4A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0054.021	0.5	5.2	1720_AG144_C	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0055.021	0.5	5.4	1900_AE144_4A	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	R1648A
LSD0056.021	0.5	5.1	1900_AG144_C	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	
LSD0056.025	0.5	4.8	1910_AG144_C	0745_AE144_3B	2332_AE288_1	

상응하는 미처리 샘플에 대해 잔여 활성의 비율

FVIII pBC0114 양성 대조군과 비교하여 (그 자체의 대조군에 비해) 상대 잔여 활성의 비율

[0783]

[0784] **실시예 29: CFXTEN 융합 단백질 pBC0145 및 pBC0146의 단백질 정제**

[0785] C 말단 XTEN을 갖는 2개의 CFXTEN 작제물을 사용하여 정제 방법을 확립한다. AE 패밀리의 288개의 아미노산의 C 말단 XTEN을 갖는 pBC0145(표 21에서의 서열 참조) 및 AG 패밀리의 288개의 아미노산의 C 말단 XTEN을 갖는 pBC0146(표 21에서의 서열 참조) 둘 다의 경우, 접선 흐름 여과(TFF) 단계를 이용하여 세포 배양물로부터 청명한 순화 배지를 완충제 교환한다. 이후, 생성물을 강한 음이온 교환 크로마토그래피 수지를 사용하여 포획하고 이후 VIIISelect 친화도 크로마토그래피(지이 헬스케어(GE Healthcare))를 사용하여 추가로 정제한다. 추가의 크기 배제 크로마토그래피(지이 헬스케어)를 제3 연마 단계로서 FVIII-pBC0146에 적용하여 고분자량 종을 제거한다. 융합 단백질 둘 다의 순도는 HPLC-SEC에 의해 허용되는 것으로 간주되고, 2개의 CFXTEN 작제물의 SDS-PAGE 분석에 의해 추가로 확인되어 예상된 크기의 CFXTEN 생성물을 나타낸다. 분자 둘 다의 특이적 활성은 B 도

메인 결실 FVIII에 필적하고, 이는 FVIII 농도의 ELISA 결정 및 aPTT 응고 검정에 의해 측정된다.

[0786] **실시예 30: HemA 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 CFXTEN 융합 단백질 pBC0145 및 pBC0146의 약동학**

[0787] 8-12주령의 수컷 FVIII 넉아웃(HemA) 마우스 또는 FVIII/VWF 이중 넉아웃(DKO) 마우스를 200IU/kg 용량(n=4/시점)으로 재조합 BDD-FVIII, CFXTEN pBC0145 또는 pBC0146 융합 정제된 단백질(실시예 23으로부터)의 단일 정맥내 투여로 처리한다. 선택 시점에서, 대정맥 샘플링을 통해 혈액 샘플을 수집한다. HemA 마우스에서, rBDD-FVIII에 대한 투약 후 5분, 14시간, 8시간, 16시간, 20시간, 24시간, 32시간 및 48시간에 및 pBC0145 및 pBC0146 융합 단백질에 대한 투약 후 5분, 8시간, 16시간, 24시간, 32시간, 48시간, 55시간 및 72시간에 혈액 샘플을 수집한다. FVIII/VWF DKO 마우스에서, rBDD-FVIII에 대한 투약 후 5분, 30분 및 1시간에 및 pBC0145 및 pBC0146 융합 단백질에 대한 투약 후 5분, 4시간, 8시간, 16시간 및 24시간에 혈액 샘플을 수집한다. 혈장 FVIII 활성을 FVIII 발색 검정에 의해 측정하고, PK 프로파일을 윈논린(WinNonlin) 프로그램에 의해 분석한다.

[0788] 결과: 표 32 및 도 24에 기재된 것처럼, AE C 말단 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN(pBC0145)은 각각 HemA 마우스 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 rBDD FVIII과 비교하여 1.6배 및 14.1배 FVIII 반감기(T1/2) 연장을 나타낸다. AG C 말단 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN(pBC0146)은 각각 HemA 마우스 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 rBDD-FVIII과 비교하여 1.4배 및 14.4배 연장된 반감기를 갖는다. XTEN 삽입에 의해 부여된 FVIII 반감기 연장의 양은, rBDD-FVIII과 비교하여 FVIII-AE-XTEN 및 FVIII-AG-XTEN 둘 다로부터의 14배 긴 FVIII 반감기에 의해 입증되는 바대로, HemA 마우스와 비교하여 FVIII/VWF DKO 마우스에서 훨씬 더 뚜렷하다. 또한, rBDD-FVIII과 비교하여, C 말단 AE 또는 AG-XTEN 삽입을 갖는 FVIII은 또한 DKO 마우스에서 5분 간격의 FVIII 회수 개선, 청소 및 분포 용적 감소 및 AUC 증가를 현저히 갖는다. 실험 조건 하에, C 말단 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN은 FVIII 반감기 연장에 대한 큰 가능성을 나타내고, 다른 FVIII 도메인간 삽입과 조합될 때 가능하게는 FVIII 반감기를 추가로 연장시킨다.

표 32

HemA 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 CFXTEN 의 약동학적 매개변수

마우스 균주	처리	5 분 회수율 (%)	$T_{1/2}$ (hr)	MRT (hr)	Cl(mL/hr/kg)	Vss(mL/kg)	AUC_D(hrkgmIU/mL/mIU)	$T_{1/2}$ 배수 증가	마우스 균주
HemA	pBC0145	73	11.88	16.47	3.81	62.74	0.26	1.6	HemA
	pBC0146	64	10.54	13.31	5.66	75.34	0.18	1.4	
	rBDD-FVIII	89	7.58	11.02	4.33	47.68	0.23		
FVIII/VWF DKO	pBC0145	74	3.38	3.76	13.06	63.68	0.0765	13.9	FVIII/VWF DKO
	pBC0146	61	3.45	3.61	17.40	86.63	0.0575	14.2	
	rBDD-FVIII	23	0.24	0.24	460.62	161.51	0.0022		

rBDD-FVIII 과 비교하여

[0789]

[0790] **실시예 31: CFXTEN 융합 단백질 pSD0050 및 pSD0062에 대한 세포 배양 및 세포 배양 배지의 농도**

[0791] BDD FVIII의 26번 아미노산 잔기 후 삽입된 144개의 아미노산의 도메인간 AG XTEN을 갖는 CFXTEN 작제물 변이체 pSD0050, BDD FVIII의 1900번 잔기(주의: 전장 FVIII에 기초하여 아미노산 넘버링됨) 후 삽입된 144개의 아미노산의 도메인간 AE XTEN을 갖는 pSD0062, 및 rBDD-FVIII을 코딩하는 작제물을 폴리에틸렌이민(PEI, 폴리사이언시스 인크.(Polysciences Inc.), 미국 펜실베니아주 웰링턴 소재)을 사용하여 HEK293F 세포(인비트로겐, 미국 캘리포니아주 칼스바드 소재)로 형질감염시킨다. 일시적으로 형질감염된 세포를 293 프리스타일 배지(인비트로겐, 미국 캘리포니아주 칼스바드 소재)에서 4일 동안 성장시키고, 이후 50-100㎖의 세포 배양 배지를 센트리콘 스핀 칼럼(Centricon Spin Column)(100kDa MW 컷오프)에 의해 10배 내지 20배 농축시켜 10-30IU/㎖ FVIII 활성에 도달한다. 이후, 농축된 재료를 플래시 냉동시키고 미래의 *실험실내* 분석 및 *생체내* 약동학적 연구를 위해 -80℃에서 저장한다.

[0792] **실시예 32: HemA 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 CFXTEN 융합 단백질 pSD0050 및 pSD0062의 약동학**

[0793] 8-12주령 수컷 HemA 또는 FVIII/VWF 이중 넉아웃(DKO) 마우스를 100-300IU/kg(n=3/그룹)에서 재조합 BDD-FVIII, CFXTEN pBD0050 또는 pBD062를 포함하는 실시예 31로부터의 세포 배양물의 단일 정맥내 투여로 처리한다. 선택 시점에서, 동일한 세트의 마우스로부터 후안와(retro orbital) 출혈을 통해 혈액 샘플을 수집한다. HemA 마우스에서, 혈액 샘플을 투약후 5분, 24시간 및 48시간에서 수집하고, FVIII/VWF DKO 마우스에서 혈액 샘플을 5분, 8시간 및 16시간에 수집한다. 혈장 샘플 및 세포 배양 농축물의 FVIII 활성을 FVIII 발색 검정에 의해 분석하고, 윈논린 프로그램을 이용하여 rBDD FVIII 및 FVIII-XTEN 변이체의 PK 프로파일을 분석한다.

[0794] 결과: HemA 마우스 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 2개의 CFXTEN 도메인간 삽입 변이체 pSD0050 및 pSD0062 및 rBDD-FVIII의 PK 프로파일은 도 25 및 표 33에 기재되어 있다. HemA 마우스에서, 5분 간격의 필적하는 초기 회수가 3개의 시험 FVIII 분자에 대해 관찰되었다. CFXTEN 융합 단백질 둘 다 야생형 BDD-FVIII과 비교하여 2배 긴 반감기를 나타냈다. FVIII-VWF DKO 마우스에서, VWF 보호의 손실로 인해, rBDD-FVIII은 오직 15분 혈장 반감기를 가졌다. 그러나, 2개의 CFXTEN의 경우에, 반감기는 각각 288 C 말단 XTEN 삽입을 갖는 CFXTEN(실시예 24)에 필적하는 값인 3.15시간 및 3.83시간으로 연장되고; 이는 소정의 삽입점에서의 XTEN 길이의 추가의 연장이 필요하지 않을 수 있다는 것을 제시한다. 실험적 조건 하에, 연구 결과는 144개의 아미노산 잔기를 갖는 XTEN의 도메인간 삽입이 FVIII 활성을 보존할 뿐만 아니라, C 말단 288개의 아미노산 XTEN 삽입 변이체와 유사한 FVIII 반감기 이익을 제공한다는 것을 명확히 나타내어, FVIII 도메인 간 및 C 말단 삽입의 조합은 FVIII 반감기의 추가의 연장을 허용할 수 있다는 것을 제시한다.

표 33

HemA 및 FVIII/VWF DKO 마우스에서 CFXTEN 의 약동학적 매개변수

마우스 균주	처리	5 분 회수율 (%)	$T_{1/2}$ (hr)	MRT (hr)	Cl(mL/hr/kg)	Vss(mL/kg)	AUC_D(hrkgmIU/mL/mIU)	$T_{1/2}$ 배수 증가
HemA	pSD0050	40	14.12	14.25	5.27	75.03	0.19	2.3
	pSD0062	43	12.96	14.79	4.24	62.67	0.24	2.1
	rBDD-FVIII	47	6.19	2.62	6.35	16.62	0.16	
FVIII/VWF DKO	pSD0050	34	3.15	2.59	21.73	56.28	0.05	~12
	pSD0062	35	3.83	3.71	18.51	68.69	0.05	~15
	rBDD-FVIII	23	~0.25					

[0795] rBDD-FVIII 과 비교하여

[0796] **실시예 33: 래트에서 CFXTEN 융합 폴리펩타이드의 약동학적 분석**

[0797] 스프라그-다울리(Sprague-Dawley) 래트에서 FVIII 단독과 비교하여 다양한 CFXTEN 융합 단백질의 약동학을 시험한다. CFXTEN 및 FVIII을 3-10㎍/래트로 목정맥 카테터를 통해 암컷 스프라그-다울리 래트(n=3)에 IV 투여한다. 혈액 샘플(0.2㎖)을 사전용량, 0.08시간, 0.5시간, 1시간, 2시간, 4시간, 8시간, 24시간, 48시간, 72시간 시점에서 예비 냉각된 헤파린화 관에 수집하고 혈장으로 프로세싱한다. 포획 및 검출 둘 다에 대해 항-FVIII 항체를 사용하여 ELISA 검정에 의해 시험 물품의 정량화를 수행한다. 비구획적 분석(non-compartmental analysis)을 윈논링에서 수행하고, 모든 시점은 PK 매개변수를 결정하기 위해 함수(fit)에 포함된다. 이 결과는 FVIII 단독과 비교하여 CFXEN에 대한 종료 반감기 및 곡선 하 면적 증가 및 분포 용적 감소를 나타내는 것으로 예상되고, 이 결과는 응고 및 약물학적 검정으로부터의 결과와 조합되어 이용되어 원하는 특성을 갖는 융합 단백질 구성을 선택한다.

[0798] **실시예 34: XTEN 삽입 부위에 대한 FVIII의 분석**

[0799] 루프 구조 또는 그외 가요성 표면 노출된 구조 구성요소 내의 투과성 자리의 위치를 예측함으로써 VIII 인자 분자 내의 XTEN 삽입 부위의 선택을 수행한다. 이 분석을 위해, FVIII의 2개의 독립적으로 결정된 X선 결정학 구조의 원자 좌표(Shen BW, et al. The tertiary structure and domain organization of coagulation factor VIII. Blood. (2008) Feb 1;111(3):1240-1247; Ngo JC, et al. Crystal structure of human factor VIII: implications for the formation of the factor IXa-factor VIIIa complex. Structure (2008)16(4):597-606),

및 분자 동적 모의(molecular dynamic simulation: MDS)로부터 추론된 VIII 인자 및 VIIIa 인자(Venkateswarlu, D. Structural investigation of zymogenic and activated forms of human blood coagulation factor VIII: a computational molecular dynamics study. BMC Struct Biol. (2010) 10:7)를 사용한다. 단백질 데이터 뱅크(Protein Data Bank: PDB) 포맷에서의 원자 좌표를 분석하여 알고리즘 ASAView(Ahmad S, et al. ASAView: database and tool for solvent accessibility representation in proteins. BMC Bioinformatics (2004) 5:51) 및 GetArea(Rychkov G, Petukhov M. Joint neighbors approximation of macromolecular solvent accessible surface area. J Comput Chem (2007) 28(12):1974-1989)를 사용하여 높은 정도의 용매 접근 가능한 표면적을 갖는 것으로 예측된 FVIII/FVIIIa의 구역을 확인한다. 이후, MDS 연구의 공개된 결과에 기초하여 높은 예측된 원자 위치 변동에 기초하여 생성된 세트의 자리를 추가로 우선순위에 둔다. A1, A2 및 A3 도메인을 플랭킹하는 산성 펩타이드 구역 내의 자리, 및 표면 노출된 루프 이외의 구역에 있는 것으로 육안 검사에 의해 확인된 것을 우선순위에서 탈락시킨다. 종간 서열 보존에 기초하여 생성된 세트의 잠재적 자리를 평가하고, 20개의 척추동물 종 사이의 높은 서열 보존의 구역에서의 자리는 더 양호하게 순위 매긴다. 추가로, 추정상 청소 수용체 결합 자리, 다른 분자(예컨대, vWF, FIX)와의 FVIII 상호작용 자리, 도메인 및 엑손 경계는 또한 융합 자리 선택에서 고려된다. 마지막으로, A형 혈우병 돌연변이, 조사, 시험 및 자원 사이트(HAMSTeRS) 데이터베이스에 수록된 A형 혈우병에서 관련된 돌연변이와 매우 인접한 자리는 제거된다(Kemball-Cook G, et al. The factor VIII Structure and Mutation Resource Site: HAMSTeRS version 4. Nucleic Acids Res. (1998) 26(1):216-219). 이 기준에 기초하여, XTEN 삽입에 대해 42개의 FVIII-XTEN 변이체의 작제가 제안되었다. 이들 중, 3개는 잔여 B 도메인 서열 내의 XTEN 삽입을 나타내고, 2개는 VIII 인자 분자의 C 말단에 대한 연장을 나타내고, 37개는 구조적으로 한정된 도메인내 및 도메인간 구조 구성요소; 즉, 3번, 18번, 22번, 26번, 40번, 60번, 116번, 130번, 188번, 216번, 230번, 333번, 375번, 403번, 442번, 490번, 518번, 599번, 713번, 745번, 1720번, 1796번, 1802번, 1827번, 1861번, 1896번, 1900번, 1904번, 1937번, 2019번, 2068번, 2111번, 2120번, 2171번, 2188번, 2227번, 2277번 및 2332번 잔기 내의 XTEN 삽입을 나타낸다.

[0800] **실시예 35: FVIII-XTEN 작제물의 기능적 분석**

[0801] FVIII-AE288(F8X-40) 및 FVIII-AG288(F8X-41)의 2개의 FVIII-XTEN 융합 단백질은 FVIII C2 도메인의 C 말단에 각각 융합된 AE288_1 XTEN 또는 AG288_1 XTEN을 포함한다. FVIII 활성이 XTEN 융합 후 보유되는지를 결정하기 위해, 혈청 비함유 배지 중에서 폴리에틸렌이민(PEI)을 사용하여 HEK293 세포를 이 2개의 FVIII-XTEN 융합 작제물과 별도로 형질감염시킨다. 형질감염 후 3일 또는 5일에, 2단계 발색 검정에 의해 FVIII 활성에 대해 세포 배양 상청액을 시험한다. WHO 국제 기준에 보정된 정제된 재조합 FVIII을 사용하여 비색 검정에서 표준 곡선을 확립한다. F8X-40 및 F8X-41 작제물 둘 다의 융합 단백질 생성물을 야생형 BDD-FVIII 작제물과 필적하는 수준에서 발현시킨다(표 34).

표 34

일시적 형질감염 세포 배양에서의 FVIII-XTEN 융합 단백질의 FVIII 역가

FVIII 분자		FVIII 066[a]	pBC 0114[a]	F8X-40	F8X-41
FVIII 활성(IU/ml)	샘플 A	6.42	6.68	7.47	3.32[b]
	샘플 B	7.13	7.61	8.25	미실행

a. FVIII 066 및 pBC 0114 둘 다는 XTEN 융합이 없는 B-도메인 결실 FVIII 을 포함한다.

[0802] b. F8X-41 샘플을 3 일 형질감염으로부터 얻고, 다르 샘플을 5 일 일시적 형질감염으로부터 얻는다.

[0803] **실시예 36: FVIII-XTEN 작제물의 기능적 분석: FVIII 활성 및 PK 특성**

[0804] 유체 역학 플라즈미드 DNA 주사에 의해 FVIII 및 폰빌레브란트 인자 이중 넉아웃 마우스에서 F8X-40 및 F8X-41 작제물의 반감기 연장 가능성을 평가하고, FVIIIFc DNA 작제물은 양성 대조군으로서 작용한다. 마우스를 그룹마다 4개의 마우스로 3개의 그룹으로 무작위로 나눈다. BDD FVIIIFc 융합 단백질, F8X-40 또는 F8X-41(모두 동일한 DNA 벡터 골격을 공유함)을 코딩하는 플라즈미드 DNA를 각각의 그룹에서의 마우스에 투여한다. 대략 100마이크로그램의 적절한 플라즈미드 DNA를 유체 역학 주사를 통해 각각의 마우스에 주사하고, 주사 후 24시간 및 48시간에 혈액 혈장 샘플을 수집한다. 표준품으로서 보정된 재조합 FVIII을 사용하여 2단계 발색 검정에 의해 혈장 FVIII 활성을 측정한다. 도 23에 도시된 바대로, F8X-40 및 F8X-41 그룹으로부터의 샘플은 BDD FVIIIFc로부

터보다 더 높은 혈장 FVIII 역가를 나타내어, XTEN을 갖는 FVIII 융합이 *생체내* FVIII의 반감기를 연장시킨다는 것을 제시한다. 종합하면, 이 데이터는 FVIII-XTEN 융합 단백질이 일시적 형질감염에서 FVIII 활성을 보유하고 동물 모델에서 순환하는 반감기 연장을 나타낸다는 결론을 지지한다.

[0805] **실시예 37: 동물 모델에서 CFXTEN의 약물학적 평가**

[0806] 혈우병, 수술, 외상, 혈소판감소증/혈소판 기능이상, 클로피도그렐/헤파린 유도 출혈 및 유체 역학 주사(이들로 제한되지는 않음)를 포함하는 출혈의 다양한 전임상 모델을 사용하여 CFXTEN 융합 단백질의 생체내 약리학적 활성을 평가한다. 다른 FVIII 접근법에 사용되고 공개된 것과 동등한 방법을 이용하여 마우스, 래트, 래빗 및 개를 포함하는 다수의 종에서 이 모델을 개발하였다. CFXTEN 조성물은 생체내 투여와 상용성인 수성 완충제(예를 들면: 인산염 완충 식염수 또는 트라이스 완충 식염수) 중에 제공된다. 특정한 모델에 최적화된 적절한 용량, 투약 빈도, 투약 스케줄 및 투여 경로로 조성물을 투여한다. 효율 결정은 무엇보다도 FVIII 활성, 1단계 응고 검정, FVIII 발색 검정, 활성화 부분 프로트롬빈 시간(aPTT), 출혈 시간, 전혈 응고 시간(WBCT), 혈전탄성묘사도(TEG 또는 ROTEM)의 측정을 포함한다.

[0807] PD 모델의 일례에서, 유전적으로 결핍되거나 실험적으로 유도된 HemA 마우스에 CFXTEN 및 FVIII을 투여한다. 투여 후 다양한 시점에서, ELISA에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 수준을 측정하고, 상업적으로 구입 가능한 FVIII 활성 키트에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 활성을 측정하고, aPTT 검정에 의해 응고 시간을 측정한다. 종합하면, 이 결과는 CFXTEN 작제물은 FVIII과 비교하여 출혈을 억제하는 데 있어서 더 효과적이고/이거나, 덜 빈번한 또는 더 편리한 투약 간격으로 FVIII의 필적하는 용량에 효력상 동등할 수 있다는 것을 나타낸다.

[0808] 마우스 출혈 도전 PD 모델에서, 유전적으로 결핍되거나 실험적으로 유도된 HemA 마우스에게 CFXTEN 및 FVIII을 투여하고, 지혈 도전에 대한 효과를 측정한다. 지혈 도전은 무엇보다도 꼬리 거래 도전, 출혈관절(hemarthropthy) 도전, 관절 출혈 또는 복재 정맥 도전을 포함할 수 있다. 투여 후 다양한 시점에서, ELISA에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 수준을 측정하고, 상업적으로 구입 가능한 FVIII 활성 키트에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 활성을 측정하고, 출혈 시간을 측정하고, aPTT 검정에 의해 응고 시간을 측정한다. 종합하면, 이 결과는 CFXTEN 작제물은 FVIII과 비교하여 출혈을 억제하는 데 있어서 더 효과적이고/이거나, 덜 빈번한 또는 더 편리한 투약 간격으로 FVIII의 필적하는 용량에 효력상 동등할 수 있다는 것을 나타내는 것으로 예상되고, 이 결과는 응고로부터의 결과 및 원하는 특성을 갖는 융합 단백질 구성을 선택하기 위한 다른 검정과 조합되어 이용된다.

[0809] 개 PD 모델에서, CFXTEN 및 FVIII을 유전 결핍 혈우병 개에게 투여한다. 투여 후 다양한 시점에서, ELISA에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 수준을 측정하고, 상업적으로 구입 가능한 FVIII 활성 키트에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 활성을 측정하고, aPTT 검정에 의해 응고 시간을 측정한다. 종합하면, 이 결과는 CFXTEN 작제물은 FVIII과 비교하여 출혈을 억제하는 데 있어서 더 효과적이고/이거나, 덜 빈번한 또는 더 편리한 투약 간격으로 FVIII의 필적하는 용량에 효력상 동등할 수 있다는 것을 나타내고, 이 결과는 응고로부터의 결과 및 원하는 특성을 갖는 융합 단백질 구성을 선택하기 위한 다른 검정과 조합되어 이용된다.

[0810] 개 출혈 도전 PD 모델에서, CFXTEN 및 FVIII을 유전 결핍 혈우병 개에게 투여하고 지혈 도전에 대한 효과를 측정한다. 지혈 도전은 무엇보다도 큐티클 출혈 시간을 포함한다. 투여 후 다양한 시점에서, ELISA에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 수준을 측정하고, 상업적으로 구입 가능한 FVIII 활성 키트에 의해 FVIII 및 CFXTEN의 활성을 측정하고, 출혈 시간을 측정하고, aPTT 검정에 의해 응고 시간을 측정한다. 종합하면, 이 결과는 CFXTEN 작제물은 FVIII과 비교하여 출혈을 억제하는 데 있어서 더 효과적이고/이거나, 덜 빈번한 또는 더 편리한 투약 간격으로 FVIII의 필적하는 용량에 효력상 동등할 수 있다는 것을 나타내고, 이 결과는 응고로부터의 결과 및 원하는 특성을 갖는 융합 단백질 구성을 선택하기 위한 다른 검정과 조합되어 이용된다.

[0811] 출혈의 추가의 전임상 모델은 혈우병, 수술, 외상, 혈소판감소증/혈소판 기능이상, 클로피도그렐/헤파린 유발 출혈 및 유체 역학 주사의 모델을 포함하지만, 이들로 제한되지는 않는다. 다른 FVIII 접근법에 사용되고 공개된 것과 동등한 방법을 이용하여 마우스, 래트, 래빗 및 개를 포함하는 다수의 종에서 이 모델을 개발할 수 있다. 종합하면, 이 결과는 CFXTEN 작제물은 FVIII과 비교하여 출혈을 억제하는 데 있어서 더 효과적이고/이거나, 덜 빈번한 또는 더 편리한 투약 간격으로 FVIII의 필적하는 용량에 효력상 동등할 수 있다는 것을 나타내고, 이 결과는 응고로부터의 결과 및 원하는 특성을 갖는 융합 단백질 구성을 선택하기 위한 다른 검정과 조합되어 이용된다.

[0812] **실시예 38: 개열 서열을 갖는 CFXTEN**

[0813] **FXIa에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0814] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 예시적인 서열은 표 51에 제공된다. 이 경우, 방출 자리 개열 서열은 FXIa 프로테아제(EC 3.4.21.27, 유니프로트 P03951)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함하는 CFXTEN으로 편입된다. 구체적으로, 아미노산 서열 KLTRAET(서열 번호 1688)은 FXIa 프로테아제에 의해 서열의 아르기닌 후에 절단된다. FXI는 내재성 또는 접촉 활성화 응고 경로에서 FVIII 직전에 위치한 응고촉진 프로테아제이다. FXIIa에 의해 지모겐의 단백질분해 개열에 의해 FXI로부터 활성 FXIa를 제조한다. FXIa의 제조는 치밀하게 제어되고 적절한 지혈에 응고가 필요한 때에만 발생한다. 따라서, KLTRAET 개열 서열(서열 번호 1688)의 편입에 의해, 내재성 응고 경로의 활성화와 동시에 응고가 생리학적으로 필요할 때 XTEN 도메인은 FVIII로부터 오직 제거된다. 이는 내재성 경로의 활성화 동안 추가의 하나의 방식으로 CFXTEN 융합 단백질이 프로세싱되는 상황을 생성한다.

[0815] **FIIa(트롬빈)에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0816] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 이 경우, 방출 자리는 FIIa 프로테아제(EC 3.4.21.5, 유니프로트 P00734)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함한다. 구체적으로, 서열 LTPRSLLV(서열 번호 1618)[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, 36: D320]은 서열에서 4번 위치에서 아르기닌 후 절단된다. 활성 FIIa는 인지질 및 칼슘의 존재 하에 FXa에 의해 FII의 개열에 의해 제조되고 응고 경로에서 IX 인자로부터 하류이다. 일단 활성화되면, 응고에서의 이의 천연 역할은 피브리노겐을 개열하는 것이고(도 2), 이후 이는 결국 혈전 형성을 시작한다. FIIa 활성은 치밀하게 제어되고 적절한 지혈에 응고가 필요한 때에만 발생한다. 따라서, LTPRSLLV 서열(서열 번호 1618)의 편입에 의해, 외재성 또는 내재성 응고 경로 중 어느 하나의 활성화와 동시에 응고가 생리학적으로 필요할 때 XTEN 도메인은 FVIII로부터 오직 제거된다. 이는 응고의 활성화 동안 추가의 하나의 방식으로 CFXTEN 융합이 프로세싱되는 상황을 생성한다.

[0817] **엘라스타제-2에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0818] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 예시적인 서열은 표 51에 제공된다. 이 경우, 방출 자리는 엘라스타제-2 프로테아제(EC 3.4.21.37, 유니프로트 P08246)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함한다. 구체적으로, 서열 LGPVSGVP(서열 번호 1689)[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, 36: D320]는 서열에서 4번 위치에서 절단된다. 엘라스타제는 호중구에 의해 연속 발현되고, 순환 시 모든 시간에 존재한다. 이의 활성은 세르핀에 의해 치밀하게 제어되고, 따라서 대부분의 시간에 최소로 활성이다. 따라서, 오래 살아있는 CFXTEN이 순환하면서, 이의 분획은 개열되어, 응고에서 사용하고자 하는 더 짧게 살아있는 FVIII의 풀을 생성한다. 본 발명의 조성물의 바람직한 특징에서, 이는 예방학적 양의 FVIII을 일정하게 방출하는 순환하는 프로드럭 데포를 생성한다.

[0819] **MMP-12에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0820] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 예시적인 서열은 표 51에 제공된다. 이 경우, 방출 자리는 MMP-12 프로테아제(EC 3.4.24.65, 유니프로트 P39900)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함한다. 구체적으로, 서열 GPAGLGGA(서열 번호 1690)[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, 36: D320]는 서열에서 4번 위치에서 절단된다. MMP-12는 전혈에서 연속 발현된다. 따라서, 오래 살아있는 CFXTEN이 순환하면서, 이의 분획은 개열되어, 응고에서 사용하고자 하는 더 짧게 살아있는 FVIII의 풀을 생성한다. 본 발명의 조성물의 바람직한 특징에서, 이는 예방학적 양의 FVIII을 일정하게 방출하는 순환하는 프로드럭 데포를 생성한다.

[0821] **MMP-13에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0822] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 예시적인 서열은 표 51에 제공된다. 이 경우, 방출 자리는 MMP-13 프로테아제(EC 3.4.24.-, 유니프로트 P45452)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함한다. 구체적으로, 서열 GPAGLRGA(서열 번호 1691)[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, 36: D320]는 서열에서 4번 위치에서 절단된다. MMP-13은 전혈에서 연속 발현된다. 따라서, 오래 살아있는 CFXTEN이 순환하면서, 이의 분획은 개열되어, 응고에서 사용하고자 하는 더 짧게 살아있는 FVIII의 풀을 생성한

다. 본 발명의 조성물의 바람직한 특징에서, 이는 예방학적 양의 FVIII을 일정하게 방출하는 순환하는 프로드럭 데포를 생성한다.

[0823] **MMP-17에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0824] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 예시적인 서열은 표 51에 제공된다. 이 경우, 방출 자리는 MMP-20 프로테아제(EC.3.4.24.-, 유니프로트 Q9ULZ9)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함한다. 구체적으로, 서열 APLGLRLR(서열 번호 1692)[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, **36**: D320]은 서열에서 4번 위치에서 절단된다. MMP-17은 전혈에서 연속 발현된다. 따라서, 오래 살아있는 CFXTEN이 순환하면서, 이의 분획은 개열되어, 응고에서 사용하고자 하는 더 짧게 살아있는 FVIII의 풀을 생성한다. 본 발명의 조성물의 바람직한 특징에서, 이는 예방학적 양의 FVIII을 일정하게 방출하는 순환하는 프로드럭 데포를 생성한다.

[0825] **MMP-20에 의해 방출 가능한 C 말단 XTEN**

[0826] FVIII의 C 말단에 융합된 XTEN 단백질로 이루어진 CFXTEN 융합 단백질은 도 12에 도시된 바대로 FVIII과 XTEN 성분 사이에 위치한 XTEN 방출 자리 개열 서열을 갖도록 생성된다. 예시적인 서열은 표 51에 제공된다. 이 경우, 방출 자리는 MMP-20 프로테아제(EC.3.4.24.-, 유니프로트 O60882)에 의해 인식되고 개열되는 아미노산 서열을 포함한다. 구체적으로, 서열 PALPLVAQ(서열 번호 1693)[Rawlings N.D., et al. (2008) *Nucleic Acids Res.*, **36**: D320]는 (화살표로 도시된) 4번 위치 후에 절단된다. MMP-20은 전혈에서 연속 발현된다. 따라서, 오래 살아있는 CFXTEN이 순환하면서, 이의 분획은 개열되어, 응고에서 사용하고자 하는 더 짧게 살아있는 FVIII의 풀을 생성한다. 본 발명의 조성물의 바람직한 특징에서, 이는 예방학적 양의 FVIII을 일정하게 방출하는 순환하는 프로드럭 데포를 생성한다.

[0827] **XTEN의 방출 속도의 최적화**

[0828] 상기 실시예의 변이체가 생성될 수 있고, 여기서 C 말단, N 말단 또는 내부 XTEN에서 편입된 XTEN의 방출 속도가 변경된다. XTEN 방출 프로테아제에 의한 XTEN 방출 속도가 XTEN 방출 자리의 서열에 따라 달라지므로, XTEN 방출 자리에서의 아미노산 서열을 변화시킴으로써 XTEN 방출 속도를 제어할 수 있다. 많은 프로테아제의 서열 특이성은 당해 분야에 널리 공지되어 있고 몇몇 데이터베이스로 수록되어 있다. 이 경우, 기질의 조합 라이브러리[Harris, J. L., et al. (2000) *Proc Natl Acad Sci U S A*, **97**: 7754]를 사용하여 또는 문헌[Schellenberger, V., et al. (1993) *Biochemistry*, **32**: 4344]에 예시된 바대로 기질 혼합물의 개열에 따라 프로테아제의 아미노산 특이성은 맵핑한다. 대안은 파지 디스플레이에 의한 최적 프로테아제 개열 서열의 동정이다[Matthews, D., et al. (1993) *Science*, **260**: 1113]. 변이체 서열을 갖는 작제물을 만들고 XTEN 폴리펩타이드의 검출에 대해 표준 검정을 이용하여 XTEN 방출에 대해 평가한다.

[0829] **실시예 39: FVIII을 포함하는 CFXTEN을 평가하기 위한 인간 임상 실험 설계**

[0830] 코게네이트(Kogenate)(등록상표) FS는 A형 혈우병 피험체에서 지혈을 수월하게 하도록 의도되는 재조합 인간 응고 VIII 인자이다. 이의 짧은 반감기로 인해, 코게네이트를 예방을 위해 격일로 정맥내 및 지혈이 성취될 때까지 출혈의 치료 시 8시간 내지 매 12시간 투약한다. FVIII에 대한 하나 이상의 XTEN의 융합이 단백질의 반감기를 개선하여, 이러한 CFXTEN 함유 융합 단백질 조성물을 사용하여 투약 빈도를 감소시키는 것으로 생각된다.

[0831] 코게네이트 또는 다른 상업적으로 구입 가능한 FVIII 제제에 비해 CFXTEN의 효율 및 이점이 인간에서 검증될 수 있도록 임상 실험이 설계된다. 이러한 연구는 3개의 상을 포함한다. 처음에, 성인 환자에서의 I상 안전성 및 약동학 연구를 수행하여 인간(정상 피험체 또는 혈우병을 지닌 환자)에서 최대 관용 용량 및 약동학 및 약물학을 결정하고, 미래의 실험에서 추적되는 잠재적 독성 및 부작용을 정의한다. I상 연구를 수행하고, 여기서 CFXTEN 조성물의 단일 상승 용량을 경로(예를 들면, 피하, 근육내, 또는 정맥내)에 의해 투여하고, 생물화학, PK 및 임상 매개변수를 정의된 간격으로 측정한다. 이는 최소 유효 용량 및 최대 관용 용량의 결정을 허용하고, 용량에서의 임계값 및 최대 농도 및 각각의 성분에 대한 치료학적 윈도우를 구성하는 순환 약물, 및 근육내 또는 피하 경로에 의해 투여될 때의 생체이용률 가능성을 확립한다. 이 정보로부터, CFXTEN 조성물의 덜 빈번한 투여를 허용하지만, 약리학적 반응을 보유하는 용량 및 용량 스케줄이 얻어진다. 이후, 임상 실험을 병증을 갖는 환자에서 수행하여, 용량 조건 하에 CFXTEN 조성물의 효과를 검증하고, CFXTEN 조성물의 특성 증대를 확립하기 위해 코게네이트와 같은 양성 대조군과 비교하여 이를 수행할 수 있다.

[0832] VIII 인자가 임상 이익을 제공할 것으로 예상될 수 있는 임의의 질환을 겪는 환자에서 II상 및 III상 임상 실험

을 수행한다. 예를 들면, VIII 인자의 사용에 대해 허가받은 적응증의 치료를 위해 임상 실험에서 CFXTEN을 사용하고; 이러한 적응증은 VIII 인자에 대한 억제제를 갖는 환자인 A형 혈우병에서의 출혈 에피소드, VIII 인자에 대한 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자에서의 수술 중재 또는 침습 절차에서의 출혈의 예방, 선천성 VIII 인자 결핍증을 앓는 환자에서의 출혈 에피소드의 치료 및 선천성 VIII 인자 결핍증을 앓는 환자에서 수술 중재 또는 침습 절차에서의 출혈의 예방을 포함한다. CFXTEN은 또한 추가의 환자 집단에서 사용하기 위해 적응증을 가질 수 있다. A형 혈우병 환자에서 II상 투약 연구를 수행하고, 여기서 실험에 적절한 약물학, 응고, 출혈 및 다른 생리학, PK, 안전성 및 임상 매개변수 및 임상 종점을 융합 단백질 조성물의 투약의 작용으로서 측정하여, 부작용과 관련된 안전성 데이터를 수집하는 것 이외에 후속하는 III상 실험에 적절한 용량에 대한 용량 범위 정보를 생성한다. CFXTEN 조성물에 대한 치료학적 윈도우 및 치료학적 용량 섭생을 확립하도록 PK 매개변수를 생리학, 임상 및 안전성 매개변수 데이터와 상관시켜, 임상의가 조성물에 대한 적절한 용량 범위를 확립하도록 한다. 일 실험에서, 출혈 에피소드를 방지하거나 약화시키는 것을 성취하고 유지시키는 CFXTEN 약제학적 조성물의 용량 및 용량 섭생을 확립하도록 VIII 인자 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자를 평가한다. 마지막으로, III상 효율 연구를 수행하고, 여기서 환자에게 CFXTEN 약제학적 조성물을 투여하고, II상 발견으로부터 유도된 각각의 조성물의 약동학적 및 약물학적 특성을 고려하여 적절한 것으로 생각되는 투약 스케줄을 이용하여 양성 대조군(예컨대, 상업적으로 구입 가능한 코게네이트)에게 투여하고, 연구 종점을 성취하기 위해 모든 물질을 적절히 연장된 기간 동안 투여한다. 모니터링되는 매개변수는 aPTT 검정, 1단계 또는 2단계 응고 검정, 출혈 에피소드 조절 또는 자발적 출혈 에피소드 발생을 포함하고; 매개변수는 위약 또는 양성 대조군 그룹에 대해 추적된다. 표준 통계 방법을 이용하여 효율 결과는 결정한다. 기재된 방식으로 사용될 때 화합물이 안정한지를 검증하기 위해 독성 및 부작용 마커가 또한 이 연구에 따를 수 있다. 다른 III상 실험에서, 지혈을 성취하고 유지시키는 것 및 출혈 에피소드를 방지하거나 약화시키는 것에 있어서 CFXTEN 약제학적 조성물의 효과를 확립하기 위해 VIII 인자 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자를 평가한다.

[0833] **실시예 40: 다양한 페이로드를 갖는 XTEN 융합 단백질의 분석 크기 배제 크로마토그래피**

[0834] 다양한 치료학적 단백질 및 증가하는 길이의 비구조화 재조합 단백질을 포함하는 융합 단백질에서 크기 배제 크로마토그래피 분석을 수행한다. 예시적인 검정은 TSKGel-G4000 SWXL(7.8㎜ x 30㎝) 칼럼을 사용하고, 1㎎/㎖의 농도의 40㎍의 정제된 글루카곤 융합 단백질을 20mM 포스페이트(pH 6.8), 114mM NaCl에서 0.6㎖/분의 흐름 속도로 분리한다. OD214㎚ 및 OD280㎚을 이용하여 크로마토그램 프로파일을 모니터링한다. 바이오라드(BioRad)로부터의 크기 배제 보정 표준품을 사용하여 모든 검정에 대한 칼럼 보정을 수행하고; 마커는 티로글로불린(670kDa), 소 감마-글로불린(158kDa), 닭 난알부민(44kDa), 말 미오글로불린(17kDa) 및 비타민 B12(1.35kDa)를 포함한다. 글루카곤-Y288, 글루카곤-Y1 44, 글루카곤-Y72, 글루카곤-Y36의 대표적인 크로마토그래피 프로파일은 도 21에 오버레이(overlay)로서 도시되어 있다. 데이터는 각각의 화합물의 겉보기 분자량이 부착된 XTEN 서열의 길이에 비례한다는 것을 나타낸다. 그러나, 데이터는 또한 각각의 작제물의 겉보기 분자량이 (동일한 검정에서 실행된 표준 단백질과 비교하여 도시된 바대로) 구상 단백질에 예상된 것보다 유의적으로 크다는 것을 나타낸다. CFXTEN 조성물을 포함하는 평가된 모든 작제물에 대한 SEC 분석에 기초하여, 겉보기 분자량, 겉보기 분자량 인자(계산된 분자량에 대한 겉보기 분자량의 비율로서 표시됨) 및 유체 역학 반경(㎚ 단위의 R_H)은 표 35에 기재되어 있다. 결과는 576개 이상의 아미노산의 상이한 XTEN의 편입이 대략 339kDa 내지 760의 융합 단백질에 대한 겉보기 분자량을 부여하고, 864개 이상의 아미노산의 XTEN은 대략 800kDa 초과의 겉보기 분자량을 부여한다는 것을 나타낸다. 실제 분자량에 대한 겉보기 분자량의 비례 증가의 결과는 적어도 4배 증가 및 약 17배만큼 높은 비로 몇몇 상이한 모티프 패밀리; 즉, AD, AE, AF, AG 및 AM으로부터 XTEN을 갖도록 생성된 융합 단백질에 일치한다. 추가로, 다양한 페이로드를 갖는 융합 단백질로의 576개 이상의 아미노산을 갖는 XTEN 융합 파트너의 편입(및 Y288에 융합된 글루카곤의 경우에 288개의 잔기)은 대략 3-5㎚의 사구체 기공 크기보다 훨씬 큰 7㎚ 이상의 유체 역학 반경을 발생시킨다. 따라서, 성장 및 XTEN을 포함하는 융합 단백질은 신장 청소가 감소하여, 종료 반감기 증가에 기여하고 상응하는 비융합 생물학적 페이로드 단백질에 비해 치료학적 또는 생물학적 효과를 개선하는 것으로 예상된다.

표 35

다양한 폴리펩타이드의 SEC 분석

작제물 명칭	XTEN 또는 융합 파트너	치료학적 단백질	실제 MW(kDa)	겉보기 MW (kDa)	겉보기 분자량 인자	R_H (nm)
AC14	Y288	글루카곤	28.7	370	12.9	7.0
AC28	Y144	글루카곤	16.1	117	7.3	5.0
AC34	Y72	글루카곤	9.9	58.6	5.9	3.8
AC33	Y36	글루카곤	6.8	29.4	4.3	2.6
AC89	AF120	글루카곤	14.1	76.4	5.4	4.3
AC88	AF108	글루카곤	13.1	61.2	4.7	3.9
AC73	AF144	글루카곤	16.3	95.2	5.8	4.7
AC53	AG576	GFP	74.9	339	4.5	7.0
AC39	AD576	GFP	76.4	546	7.1	7.7
AC41	AE576	GFP	80.4	760	9.5	8.3
AC52	AF576	GFP	78.3	526	6.7	7.6
AC398	AE288	FVII	76.3	650	8.5	8.2
AC404	AE864	FVII	129	1900	14.7	10.1
AC85	AE864	엑센딘 (Exendin)-4	83.6	938	11.2	8.9
AC114	AM875	엑센딘-4	82.4	1344	16.3	9.4
AC143	AM875	hGH	100.6	846	8.4	8.7
AC227	AM875	IL-1ra	95.4	1103	11.6	9.2
AC228	AM1318	IL-1ra	134.8	2286	17.0	10.5

[0835]

[0836] **실시예 41: 사이노몰거스 원숭이에서 GFP에 융합된 연장된 폴리펩타이드의 약동학**

[0837] 사이노몰거스 원숭이에서 GFP-L288, GFP-L576, GFP-XTEN_AF576, GFP-XTEN_Y576 및 XTEN_AD836-GFP의 약동학을 시험하여 PK 매개변수에 대한 비구조화 폴리펩타이드의 조성 및 길이의 효과를 결정한다. 혈액 샘플을 주사 후 다양한 시간에 분석하고, 포획에 대해 GFP에 대한 다중클론 항체 및 검출에 대해 동일한 다중클론 항체의 바이오티닐화 제제를 사용하여 ELISA에 의해 혈장 중의 GFP의 농도를 측정한다. 결과는 도 19에 요약되어 있다. 이는 XTEN 서열의 길이 증가에 의한 놀라운 반감기 증가를 나타낸다. 예를 들면, (XTEN에서 288개의 아미노산 잔기를 갖는) GFP-XTEN_L288에 대해 10시간의 반감기가 결정된다. 576개의 아미노산에 대한 비구조화 폴리펩타이드 융합 파트너의 길이의 이중화는 다수의 융합 단백질 작제물; 즉, GFP-XTEN_L576, GFP-XTEN_AF576, GFP-XTEN_Y576에 대한 반감기를 20-22시간으로 증가시킨다. 836개의 잔기로의 비구조화 폴리펩타이드 융합 파트너 길이의 추가의 증가는 XTEN_AD836-GFP에 대해 72-75시간의 반감기를 발생시킨다. 따라서, 288개의 잔기로부터 576개의 잔기로의 288개의 잔기만큼의 중합체 길이의 증가는 생체내 반감기를 약 10시간만큼 증가시킨다. 그러나, 576개의 잔기로부터 836개의 잔기로의 260개의 잔기만큼의 폴리펩타이드 길이의 증가는 반감기를 50시간 초과만큼 증가시킨다. 이 결과는 *생체내* 반감기의 비례 획득 초과를 발생시키는 비구조화 폴리펩타이드 길이의 놀라운 임계값이 있다는 것을 나타낸다. 따라서, 연장된 비구조화 폴리펩타이드를 포함하는 융합 단백질은 더 짧은 길이의 폴리펩타이드와 비교하여 증대된 약동학의 특성을 갖는 것으로 예상된다.

[0838] **실시예 42: XTEN의 혈청 안정성**

[0839] GFP의 N 말단에 융합된 XTEN_AE864를 포함하는 융합 단백질을 7일 이하 동안 37℃에서 원숭이 혈장 및 래트 신장 용해물 중에 항온처리한다. 샘플을 0시간, 1일 및 7일에 채취하고, SDS PAGE에 의해 분석한 후 웨스턴 분석을 이용하여 검출하고 도 20에 도시된 바대로 GFP에 대한 항체에 의해 검출한다. XTEN_AE864의 서열은 혈장에서 7일 동안 무시할만한 분해 징후를 나타낸다. 그러나, XTEN_AE864는 3일 동안 래트 신장 용해물 중에 신속히 분해된다. 융합 단백질의 생체내 안정성을 혈장 샘플에서 시험하고, GFP_AE864를 면역침전하고 상기 기재된 바대로 SDS PAGE에 의해 분석한다. 주사 후 7일까지 채취된 샘플은 매우 적은 분해 징후를 나타냈다. 이 결과는

CFXTEN 융합 단백질의 약동학적 특성의 증대에서의 인자인 혈청 프로테아제로 인한 분해에 대한 CFXTEN의 내성을 나타낸다.

[0840] **실시예 43: XTEN에 연결함으로써 펩타이드 페이로드의 용해도 및 안정성 증가**

[0841] 용해도 및 안정성의 물리화학적 특성을 증대시키는 XTEN의 능력을 평가하기 위해, 글루카곤과 더 짧은 길이의 XTEN의 융합 단백질을 제조하고 평가한다. 시험 물품을 중성 pH에서 트라이스 완충 식염수 중에 제조하고, Gcg-XTEN 용액의 규명은 역상 HPLC 및 크기 배제 크로마토그래피에 의해 단백질이 용액 중에 균질하고 비응집된다는 것을 확인한다. 이 데이터는 표 36에 제시되어 있다. 비교 목적을 위해, 동일한 완충제 중의 비변형 글루카곤의 용해도 제한을 60μM(0.2mg/㎖)에서 측정하고, 이 결과는 첨가된 모든 길이의 XTEN의 경우, 실질적인 용해도 증가가 얻어진다는 것을 나타낸다. 중요하게는, 대부분의 경우 글루카곤-XTEN 융합 단백질은 표적 농도를 성취하도록 제조되고 소정의 작제물에 대해 최대 용해도 제한을 결정하도록 평가되지 않는다. 그러나, AF-144 XTEN에 연결된 글루카곤의 경우, 용해도 제한이 결정되고, 이 결과는 XTEN에 연결되지 않은 글루카곤과 비교하여 60배의 용해도 증가가 성취된다는 것이다. 또한, 글루카곤-AF144 CFXTEN은 안정성에 대해 평가되고, 냉동 조건 하에 적어도 6개월 동안 및 37℃에서 대략 1개월 동안 액체 제제 중에 안정한 것으로 밝혀졌다(데이터 비도시).

[0842] 이 데이터는 글루카곤과 같은 생물학적 활성 단백질에 대한 짧은 길이의 XTEN 폴리펩타이드의 연결이 생성된 융합 단백질에 의해 단백질의 용해도 특성을 현저히 증대시키고, 더 높은 단백질 농도에서 안정성을 부여할 수 있다는 결론을 지지한다.

표 36

글루카곤-XTEN 작제물의 용해도

[0843]

시험 물품	용해도
글루카곤	60μM
글루카곤-Y36	>37μM
글루카곤-Y72	>293μM
글루카곤-AF108	>145μM
글루카곤-AF120	>160μM
글루카곤-Y144	>497μM
글루카곤-AE144	>467μM
글루카곤-AF144	>3600μM
글루카곤-Y288	>163μM

[0844] **실시예 44: 예측 알고리즘에 의한 2차 구조에 대한 서열 분석**

[0845] 널리 공지된 챠우-파스만 알고리즘(Chou, P. Y., *et al*. (1974) *Biochemistry*, **13**: 222-45) 및 가르니에-오스구토르페-로브슨 또는 "GOR" 방법(Garnier J, Gibrat JF, Robson B. (1996). GOR method for predicting protein secondary structure from amino acid sequence. Methods Enzymol 266:540-553)과 같은 특정한 컴퓨터 프로그램을 통해 2차 구조에 대해 아미노산 서열을 평가할 수 있다. 소정의 서열의 경우, 이 알고리즘은 몇몇 2차 구조가 존재하거나 이 구조가 결코 존재하지 않는지를 예측할 수 있고, 이는 예를 들면 알파 나선 또는 베타 시트를 형성하는 서열의 잔기의 전체 및/또는 백분율 또는 무작위 코일을 형성시키는 것으로 예측된 서열의 잔기의 백분율로서 표시된다.

[0846] 챠우-파스만 및 GOR 방법에 대해 2개의 알고리즘 툴을 이용하여 XTEN "패밀리"로부터의 몇몇 대표적인 서열을 평가하여 이 서열에서의 2차 구조의 정도를 평가한다. 2009년 6월 19일제 존재하는 .fasta.bioch.virginia.edu/fasta_www2/fasta_www.cgi?rm=misc1에서의 웰드 와이드 웹에 위치한 URL인 "바이오서포트(Biosupport)" 인터넷 사이트에서 윌리암 알. 피어슨(William R. Pearson) 및 버지니아 대학교(University of Virginia)에 의해 챠우-파스만 툴은 제공된다. 2009년 6월 19일에 존재하는 .npsa-pbil.ibcp.fr/cgi-bin/secpred_gor4.pl에서의 웰드 와이드 웹에 위치한 URL인 네트워크 단백질 서열 분석(Network Protein Sequence Analysis) 인터넷 사이트에서 폴 인포마티끄 레오나이스(Pole Informatique

Lyonnais)에 의해 GOR 툴은 제공된다.

[0847] 분석에서 제1 단계로서, 2개의 알고리즘에 의해 단일 XTEN 서열을 분석한다. AE864 조성물은 G, S, T, E, P 및 A의 아미노산으로 이루어진 4개의 12개 아미노산 서열 모티프의 다수의 카피로부터 생성된 864개의 아미노산 잔기를 갖는 XTEN이다. 서열 모티프는 임의의 2개의 연속 아미노산의 서열이 임의의 1개의 12개 아미노산 모티프에서 2회 초과로 반복되지 않고 전장 XTEN의 3개의 인접 아미노산이 동일하지 않는다는 점에서 모티프 내에 및 전체 서열 내에 반복성이 제한된다는 사실을 특징으로 한다. 연속하여, 챠우-파스만 및 GOR 알고리즘(후자는 17개의 아미노산의 최소 길이를 필요로 함)에 의해 N 말단으로부터 AF 864 서열의 더 긴 부분을 분석한다. FASTA 포맷 서열을 예측 툴에 넣고 분석을 실행함으로써 서열을 분석한다. 분석에 대한 결과가 표 37에 제시되어 있다.

[0848] 이 결과는, 챠우-파스만 계산에 의해, 적어도 288개 이하의 아미노산 잔기인 AE 및 AG 패밀리의 짧은 XTEN이, 알파 나선 또는 베타 시트를 갖지만, GOR 알고리즘에 의한 무작위 코일의 예측된 백분율의 양은 78-99% 변한다는 것을 나타낸다. 504개의 잔기의 XTEN 길이의 1300개 초과로의 증가에 의해, 챠우-파스만 알고리즘에 의해 분석된 XTEN은 0 내지 약 2%의 알파 나선 또는 베타 시트의 예측된 백분율을 갖고, 무작위 코일의 계산된 백분율은 94-99%로 증가한다. 알파 나선 또는 베타 시트를 갖는 이 XTEN은 예측된 베타 시트를 형성시키는 3개의 인접 세린 잔기의 하나 이상의 경우를 갖는 서열이다. 그러나, 심지어 이 서열은 여전히 대략 99%의 무작위 코일 형성을 갖는다.

[0849] 본 명세서에 제공된 데이터는 1) 인접 아미노산과 관련하여 반복성이 제한된 G, S, T, E, P 및 A의 다수의 서열 모티프로부터 생성된 XTEN은 매우 적은 양의 알파 나선 및 베타 시트를 갖는 것으로 예측되고; 2) XTEN의 길이 증가가 알파 나선 또는 베타 시트 형성의 확률을 이해 가능하게 증가시키지 않고; 3) G, S, T, E, P 및 A의 아미노산으로 이루어진 비반복 12합체의 첨가에 의한 XTEN 서열의 점진적 길이 증가가 무작위 코일 형성의 백분율을 증가시킨다고 제시한다. 이 결과는 반복성(임의의 하나의 모티프에서 2개 이하의 동일한 인접 아미노산을 갖는 것 포함)이 제한된 본 명세서에 정의된 XTEN 서열(예를 들면, G, S, T, E, P 및 A의 서열 모티프로부터 생성된 XTEN 포함)이 매우 제한된 2차 구조를 갖는 것으로 예상된다는 것을 추가로 나타낸다. 3개의 인접 세린이 바람직하지 않지만 실질적으로 2차 구조가 없는 XTEN 서열을 생성시키는 XTEN 폴리펩타이드를 생성하기 위해 표 3으로부터의 서열 모티프의 임의의 순서 또는 조합이 이용될 수 있다. 그러나, 3개의 인접 시리즈의 바람직하지 않은 특성은 XTEN의 길이 증가에 의해 개선될 수 있다. 이러한 서열은 본 명세서에 개시된 본 발명의 CFXTEN 실시형태에서 기재된 특성을 갖는 것으로 예상된다.

표 37

폴리펩타이드 서열의 챠우-파스만 및 GOR 예측 계산

서열 명칭	서열 번호	잔기 번호	챠우 -파스만 계산	GOR 계산
AE36: LCW0402_002	1489	36	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	94.44%
AE36: LCW0402_003	1490	36	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	94.44%
AG36: LCW0404_001	1491	36	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	77.78%
AG36: LCW0404_003	1492	36	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	83.33 %
AE42_1	1493	42	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	90.48%
AE42_1	1494	42	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	90.48%
AG42_1	1495	42	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	88.10%
AG42_2	1496	42	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	88.10%
AE144	1497	144	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	98.61%
AG144_1	1498	144	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	91.67%
AE288	1499	288	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	99.31%
AG288_2	1500	288	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	92.71
AF504	1501	504	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	94.44%
AD 576	1502	576	잔기 전체: H: 7 E: 0 백분율: H: 1.2 E: 0.0	99.65%
AE576	1503	576	잔기 전체: H: 2 E: 0 백분율: H: 0.4 E: 0.0	99.65%
AG576	1504	576	잔기 전체: H: 0 E: 3 백분율: H: 0.4 E: 0.5	99.31%
AF540	1505	540	잔기 전체: H: 2 E: 0 백분율: H: 0.4 E: 0.0	99.65
AD836	1506	836	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	98.44%
AE864	1507	864	잔기 전체: H: 2 E: 3 백분율: H: 0.2 E: 0.4	99.77%
AF864	1508	875	잔기 전체: H: 2 E: 0 백분율: H: 0.2 E: 0.0	95.20%
AG864	1509	864	잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0.0 E: 0.0	94.91%

[0850]

서열 명칭	서열 번호	잔기 번호	챠우 -파스만 계산	GOR 계산
AM875	1510	875	잔기 전체: H: 7 E: 3 백분율: H: 0.8 E: 0.3	98.63%
AM1318	1511	1318	잔기 전체: H: 7 E: 0 백분율: H: 0.7 E: 0.0	99.17%
AM923	1512	924	잔기 전체: H: 4 E: 3 백분율: H: 0.4 E: 0.3	98.70%
AE912	1513	913	잔기 전체: H: 8 E: 3 백분율: H: 0.9 E: 0.3	99.45%
BC 864	1514		잔기 전체: H: 0 E: 0 백분율: H: 0 E: 0	99.77%

[0851] H: 알파-나선 E: 베타 -시트

[0852] **실시예 45: 반복성에 대한 폴리펩타이드 서열의 분석**

[0853] 이 실시예에서, 아미노산 서열의 반복성에 대해 몇몇 XTEN 서열을 포함하는 상이한 폴리펩타이드를 평가한다. 더 짧은 하위서열이 전체 폴리펩타이드 내에 발생하는 횟수를 정량화함으로써 반복성에 대해 폴리펩타이드 아미노산 서열을 평가할 수 있다. 예를 들면, 200개의 아미노산 잔기 길이의 폴리펩타이드는 전체 165개의 중첩하는 36-아미노산 "블록"(또는 "36합체") 및 198개의 3합체 "하위서열"을 갖지만, 독특한 3합체 하위서열의 수는 서열 내의 반복성의 양에 따라 달라진다. 분석을 위해, 하기 방정식의 적용에 의해 얻은 하위서열 스코어를 결정함으로써 반복성에 대해 상이한 폴리펩타이드 서열을 평가한다:

[0854] $$\text{하위서열 스코어} = \frac{\sum_{i=1}^{m} \text{카운트}_i}{m} \qquad \text{I}$$

[0855] 식 중, m = (폴리펩타이드의 아미노산 길이) - (하위서열의 아미노산 길이) + 1이고; 카운트$_i$ = 서열$_i$ 내의 각각의 독특한 하위서열의 누적 발생 수,

[0856] 본 실시예의 분석에서, 도 27에 도시된 알고리즘을 이용하여 컴퓨터 프로그램에서 이전 방정식을 이용하여 표 38의 폴리펩타이드에 대한 하위서열 스코어를 결정하고, 하위서열 길이는 3개의 아미노산에서 설정된다. 생성된 하위서열 스코어는 폴리펩타이드 내의 반복성의 정도의 반영이다.

[0857] 표 38에 도시된 결과는 2개 또는 3개의 아미노산 유형으로 이루어진 비구조화 폴리펩타이드가 높은 하위서열 스코어를 갖고, 낮은 내부 반복성 정도를 갖는 G, S, T, E, P 및 A의 6개의 아미노산의 12개 아미노산 모티프로 이루어진 것이 10 미만, 몇몇 경우에 5 미만의 하위서열 스코어를 갖는다는 것을 나타낸다. 예를 들면, L288 서열은 2개의 아미노산 유형을 갖고 짧은 매우 반복인 서열을 가져, 하위서열 스코어가 50.0이 된다. 폴리펩타이드 J288은 3개의 아미노산 유형을 갖지만 또한 짧은 반복 서열을 가져, 하위서열 스코어가 33.3이 된다. Y576은 또한 3개의 아미노산 유형을 갖지만, 처음의 200개의 아미노산에 걸쳐 15.7의 하위서열 스코어로 반영된 내부 반복으로 제조되지 않는다. W576은 4개 유형의 아미노산으로 이루어지지만, 더 높은 정도의 내부 반복성, 예를 들면, "GGSG"(서열 번호 1694)를 가져, 하위서열 스코어가 23.4가 된다. AD576은 4개 유형의 12개 아미노산 모티프로 이루어지고, 각각 4개 유형의 아미노산으로 이루어진다. 개별 모티프의 낮은 내부 반복성 정도로 인해, 처음의 200개의 아미노산에 걸친 전체 하위서열 스코어는 13.6이다. 반대로, 4개의 모티프로 이루어진 XTEN은 6개 유형의 아미노산을 포함하고, 낮은 내부 반복성 정도를 갖는 각각은 더 낮은 하위서열 스코어를 갖고; 즉, AE864(6.1), AF864(7.5) 및 AM875(4.5), 5개 유형의 아미노산을 포함하는 4개의 모티프로 이루어진 XTEN은 중간; 즉, 스코어가 7.2인 AE864이다.

[0858] 결론: 이 결과는 12개의 아미노산 하위서열 모티프(각각 더 긴 XTEN 폴리펩타이드로의 비반복인 4개 내지 6개의 아미노산 유형으로 이루어짐)의 조합이 10 미만, 많은 경우에 5 미만의 전체 하위서열 스코어로 표시되는 실질적으로 비반복인 전체 서열을 발생시킨다는 것을 나타낸다. 이는 각각의 하위서열 모티프가 서열에 걸쳐 수회 사용될 수 있다는 사실에도 불구하고 그러하다. 반대로, 더 적은 수의 아미노산 유형으로부터 생성된 중합체는 더 높은 하위서열 스코어를 발생시키고, 2개의 아미노산 유형으로 이루어진 폴리펩타이드는 3개의 아미노산 유형으로 이루어진 것보다 높은 스코어를 갖는다.

표 38

폴리펩타이드 서열의 하위서열 스코어 계산

서열 명칭	서열 번호:	스코어
J288	1515	33.3
K288	1516	46.9
L288	1517	50.0
Y288	1518	26.8
Q576	1519	18.5
U576	1520	18.1
W576	1521	23.4
Y576	1522	15.7
AE288	1523	6.0
AG288_1	1524	6.9
AD576	1525	13.6
AE576	1526	6.1
AF540	1527	8.8
AF504	1528	7.0
AE864	1529	6.1
AF864	1530	7.5
AG864	1531	7.2
AG868	1532	7.5
AM875	1533	4.5
AE912	1534	4.5
AM923	1535	4.5
AM1296	1536	4.5

[0859]

[0860] **실시예 46: 테피토프 스코어의 계산**

[0861] 스투르니올로(Sturniolo)[Sturniolo, T., et al. (1999) Nat Biotechnol, 17: 555]가 기재한 포켓 가능성을 추가하여 9합체 펩타이드 서열의 테피토프 스코어를 계산할 수 있다. 본 실시예에서, 개별 HLA 대립유전자에 대해 별개의 테피토프 스코어를 계산한다. 표 39는 코카시안(Caucasian) 집단에서 높은 빈도로 발생하는 HLA0101 B에 대한 포켓 가능성을 예로서 나타낸다. 서열 P1-P2-P3-P4-P5-P6-P7-P8-P9를 갖는 펩타이드의 테피토프 스코어를 계산하기 위해, 표 39에서의 상응하는 개별 포켓 가능성을 추가한다. 서열 FDKLPRTSG(서열 번호 1695)를 갖는 9합체 펩타이드의 HLA0101B 스코어는 0, -1.3, 0, 0.9, 0, -1.8, 0.09, 0, 0의 합이다.

[0862] 긴 펩타이드에 대한 테피토프 스코어를 평가하기 위해, 서열의 모든 9합체 하위서열에 대한 과정을 반복할 수 있다. 다른 HLA 대립유전자에 의해 코딩된 단백질에 대해 이 과정을 반복할 수 있다. 표 40-43은 코카시안 집단에서 높은 빈도로 발생하는 HLA 대립유전자의 단백질 생성물에 대한 포켓 가능성을 제공한다.

[0863] 이 방법에 의해 계산된 테피토프 스코어는 대략 -10 내지 +10 범위이다. 그러나, PI 위치에서 소수성 아미노산(FKLMVWY(서열 번호 1696))이 결여된 9합체 펩타이드는 -1009 내지 -989 범위의 계산된 테피토프 스코어를 갖는다. 이 값은 생물학적으로 의미 없고, 소수성 아미노산이 HLA 결합에 대한 고정 잔기로서 작용한다는 사실을 반영하고, PI에서 소수성 잔기가 결여된 펩타이드는 HLA에 비결합제로 생각된다. 대부분의 XTEN 서열이 소수성 잔기가 결여되므로, 9합체 하위서열의 모든 조합은 -1009 내지 -989 범위의 테피토프를 갖는다. 이 방법은 XTEN 폴리펩타이드가 몇몇 예측된 T 세포 에피토프를 갖거나 갖지 않을 수 있다는 것을 확인시켜준다.

표 39

HLA0101B 대립유전자에 대한 포켓 가능성.

아미노산	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	-2.4	-	-2.7	-2	-	-1.9
E	-999	0.1	-1.2	-0.4	-	-2.4	-0.6	-	-1.9
F	0	0.8	0.8	0.08	-	-2.1	0.3	-	-0.4
G	-999	0.5	0.2	-0.7	-	-0.3	-1.1	-	-0.8
H	-999	0.8	0.2	-0.7	-	-2.2	0.1	-	-1.1
I	-1	1.1	1.5	0.5	-	-1.9	0.6	-	0.7
K	-999	1.1	0	-2.1	-	-2	-0.2	-	-1.7
L	-1	1	1	0.9	-	-2	0.3	-	0.5
M	-1	1.1	1.4	0.8	-	-1.8	0.09	-	0.08
N	-999	0.8	0.5	0.04	-	-1.1	0.1	-	-1.2
P	-999	-0.5	0.3	-1.9	-	-0.2	0.07	-	-1.1
Q	-999	1.2	0	0.1	-	-1.8	0.2	-	-1.6
R	-999	2.2	0.7	-2.1	-	-1.8	0.09	-	-1
S	-999	-0.3	0.2	-0.7	-	-0.6	-0.2	-	-0.3
T	-999	0	0	-1	-	-1.2	0.09	-	-0.2
V	-1	2.1	0.5	-0.1	-	-1.1	0.7	-	0.3
W	0	-0.1	0	-1.8	-	-2.4	-0.1	-	-1.4
Y	0	0.9	0.8	-1.1	-	-2	0.5	-	-0.9

[0864]

표 40

HLA0301B 대립유전자에 대한 포켓 가능성.

아미노산	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	2.3	-	-2.4	-0.6	-	-0.6
E	-999	0.1	-1.2	-1	-	-1.4	-0.2	-	-0.3
F	-1	0.8	0.8	-1	-	-1.4	0.5	-	0.9
G	-999	0.5	0.2	0.5	-	-0.7	0.1	-	0.4
H	-999	0.8	0.2	0	-	-0.1	-0.8	-	-0.5
I	0	1.1	1.5	0.5	-	0.7	0.4	-	0.6
K	-999	1.1	0	-1	-	1.3	-0.9	-	-0.2
L	0	1	1	0	-	0.2	0.2	-	-0
M	0	1.1	1.4	0	-	-0.9	1.1	-	1.1
N	-999	0.8	0.5	0.2	-	-0.6	-0.1	-	-0.6
P	-999	-0.5	0.3	-1	-	0.5	0.7	-	-0.3
Q	-999	1.2	0	0	-	-0.3	-0.1	-	-0.2
R	-999	2.2	0.7	-1	-	1	-0.9	-	0.5
S	-999	-0.3	0.2	0.7	-	-0.1	0.07	-	1.1
T	-999	0	0	-1	-	0.8	-0.1	-	-0.5
V	0	2.1	0.5	0	-	1.2	0.2	-	0.3
W	-1	-0.1	0	-1	-	-1.4	-0.6	-	-1
Y	-1	0.9	0.8	-1	-	-1.4	-0.1	-	0.3

[0865]

표 41

HLA0401B 대립유전자에 대한 포켓 가능성.

아미노산	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	1.4	-	-1.1	-0.3	-	-1.7
E	-999	0.1	-1.2	1.5	-	-2.4	0.2	-	-1.7
F	0	0.8	0.8	-0.9	-	-1.1	-1	-	-1
G	-999	0.5	0.2	-1.6	-	-1.5	-1.3	-	-1
H	-999	0.8	0.2	1.1	-	-1.4	0	-	0.08
I	-1	1.1	1.5	0.8	-	-0.1	0.08	-	-0.3
K	-999	1.1	0	-1.7	-	-2.4	-0.3	-	-0.3
L	-1	1	1	0.8	-	-1.1	0.7	-	-1
M	-1	1.1	1.4	0.9	-	-1.1	0.8	-	-0.4
N	-999	0.8	0.5	0.9	-	1.3	0.6	-	-1.4
P	-999	-0.5	0.3	-1.6	-	0	-0.7	-	-1.3
Q	-999	1.2	0	0.8	-	-1.5	0	-	0.5
R	-999	2.2	0.7	-1.9	-	-2.4	-1.2	-	-1
S	-999	-0.3	0.2	0.8	-	1	-0.2	-	0.7
T	-999	0	0	0.7	-	1.9	-0.1	-	-1.2
V	-1	2.1	0.5	-0.9	-	0.9	0.08	-	-0.7
W	0	-0.1	0	-1.2	-	-1	-1.4	-	-1
Y	0	0.9	0.8	-1.6	-	-1.5	-1.2	-	-1

[0866]

표 42

HLA0701B 대립유전자에 대한 포켓 가능성.

아미노산	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	-1.6	-	-2.5	-1.3	-	-1.2
E	-999	0.1	-1.2	-1.4	-	-2.5	0.9	-	-0.3
F	0	0.8	0.8	0.2	-	-0.8	2.1	-	2.1
G	-999	0.5	0.2	-1.1	-	-0.6	0	-	-0.6
H	-999	0.8	0.2	0.1	-	-0.8	0.9	-	-0.2
I	-1	1.1	1.5	1.1	-	-0.5	2.4	-	3.4
K	-999	1.1	0	-1.3	-	-1.1	0.5	-	-1.1
L	-1	1	1	-0.8	-	-0.9	2.2	-	3.4
M	-1	1.1	1.4	-0.4	-	-0.8	1.8	-	2
N	-999	0.8	0.5	-1.1	-	-0.6	1.4	-	-0.5
P	-999	-0.5	0.3	-1.2	-	-0.5	-0.2	-	-0.6
Q	-999	1.2	0	-1.5	-	-1.1	1.1	-	-0.9
R	-999	2.2	0.7	-1.1	-	-1.1	0.7	-	-0.8
S	-999	-0.3	0.2	1.5	-	0.6	0.4	-	-0.3
T	-999	0	0	1.4	-	-0.1	0.9	-	0.4
V	-1	2.1	0.5	0.9	-	0.1	1.6	-	2
W	0	-0.1	0	-1.1	-	-0.9	1.4	-	0.8
Y	0	0.9	0.8	-0.9	-	-1	1.7	-	1.1

[0867]

표 43

HLA1501B 대립유전자에 대한 포켓 가능성.

아미노산	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9
A	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
C	-999	0	0	0	-	0	0	-	0
D	-999	-1.3	-1.3	-0.4	-	-0.4	-0.7	-	-1.9
E	-999	0.1	-1.2	-0.6	-	-1	-0.7	-	-1.9
F	-1	0.8	0.8	2.4	-	-0.3	1.4	-	-0.4
G	-999	0.5	0.2	0	-	0.5	0	-	-0.8
H	-999	0.8	0.2	1.1	-	-0.5	0.6	-	-1.1
I	0	1.1	1.5	0.6	-	0.05	1.5	-	0.7
K	-999	1.1	0	-0.7	-	-0.3	-0.3	-	-1.7
L	0	1	1	0.5	-	0.2	1.9	-	0.5
M	0	1.1	1.4	1	-	0.1	1.7	-	0.08
N	-999	0.8	0.5	-0.2	-	0.7	0.7	-	-1.2
P	-999	-0.5	0.3	-0.3	-	-0.2	0.3	-	-1.1
Q	-999	1.2	0	-0.8	-	-0.8	-0.3	-	-1.6
R	-999	2.2	0.7	0.2	-	1	-0.5	-	-1
S	-999	-0.3	0.2	-0.3	-	0.6	0.3	-	-0.3
T	-999	0	0	-0.3	-	-0	0.2	-	-0.2
V	0	2.1	0.5	0.2	-	-0.3	0.3	-	0.3
W	-1	-0.1	0	0.4	-	-0.4	0.6	-	-1.4
Y	-1	0.9	0.8	2.5	-	0.4	0.7	-	-0.9

[0868]

[0869] **실시예 46: 허용성 루프로의 XTEN의 삽입의 평가.**

[0870] XTEN AE42-4 삽입

[0871] XTEN AE42 삽입을 갖는 FVIII의 작제 및 발현은 실시예 17 및 24에 기재되어 있다. 따라서, 여기서 잔기 X는 삽입 부위를 지칭하고, 잔기 Z는 네이티브 FVIII 폴리펩타이드 서열에서 다음 잔기를 지칭하고, XTEN AE42의 삽입으로부터 생긴 폴리펩타이드는 하기 서열을 갖는다:

[0872] X-GAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPASS-Z(서열 번호 1697)

[0873] FVIII 서열에서의 16개의 상이한 자리는 XTEN AE42 삽입에 선택되고, 이는 배취 1로 설계된다. XTEN AE42 삽입에 선택된 추가의 21개의 자리는 배취 2로 설계된다. 총체적으로, 배취 1 및 배취 2 자리는 A1 도메인에서의 12개의 자리, A2 도메인에서 7개의 자리, A3 도메인에서 10개의 자리, C1 도메인에서 4개의 자리 및 C2 도메인에서 3개의 자리를 나타낸다. FVIII의 3-D 구조에서의 배취 1 및 2 자리의 위치는 도 32에 도시되어 있다.

[0874] 이 배취 1 및 배취 2 삽입 부위의 위치는 pSD0001-pSD0004, pSD0009-pSD0012, pSD0023-pSD0032, pSD0034-pSD0063으로 지정된 37개의 작제물을 생성시키고[상기 범위는 모든 중간 숫자를 또한 포함함], 이의 서열은 표 21에 기재되어 있고, 이의 삽입 부위는 표 23에 기재되어 있다.

[0875] 실험실내 검정

[0876] XTEN AE42-4 삽입에 대한 FVIII 관용을 평가하기 위해, FVIII 발색 검정을 이용하여 FVIII-XTEN 세포 배양물로부터의 배양 배지 샘플에서의 FVIII 활성을 분석한다. FVIII-HC(FVIII 중쇄) 및 FVIII-LC(FVIII 경쇄) ELISA에 의해 항원 발현 수준을 분석한다.

[0877] 발색 검정에 의한 FVIII 활성 측정

[0878] 디아파마(롯트 N089019호)로부터의 코아테스트(등록상표) SP FVIII 키트를 사용하여 FVIII 활성을 측정하고, 37℃ 플레이트 가열기에서 진탕시키면서 모든 항온처리를 수행한다. 1x FVIII 코아테스트(등록상표) 완충제를 사용하여 6웰 플레이트로부터의 FVIII-XTEN AE42-4 변이체의 일시적 형질감염 배지로부터의 세포 배양 수확물을 원하는 FVIII 활성 범위로 희석한다. 시험 샘플로서 일치하는 배양 배지 농도를 갖는 모의 형질감염 배지를 포

함하는 1x FVIII 코아테스트(등록상표) 완충제에서 FVIII 표준품을 제조한다. 재조합 VIII 인자(rFVIII) 표준품의 범위는 100mIU/㎖ 내지 0.78mIU/㎖이다. 표준품, 희석된 세포 배양 샘플 및 풀링된 정상 인간 혈장 검정 대조군을 이뮬론(Immulon)(등록상표) 2HB 96웰 플레이트에 이중으로 첨가한다(25㎕/웰).

[0879] 새로 제조된 IXa/FX/인지질 혼합물(50㎕), 25㎕의 25mM CaCl2 및 50㎕의 FXa 기질을 각각의 웰에 순차적으로 첨가하고, 각각의 첨가 사이에 5분 항온처리한다. 기질과 항온처리한 후, 25㎕의 20% 아세트산을 첨가하여 색상 반응을 결정하고, 405nm에서의 흡광도를 스펙트라맥스(등록상표) 플러스(모레큘러 디바이시스) 기기로 측정한다.

[0880] 소프트맥스 프로 소프트웨어(버전 5.2)를 사용하여 데이터 분석을 수행한다. 가장 낮은 수준의 정량화(LLOQ)는 39mIU/㎖이었다. 이 결과는 표 22에 제시되어 있다.

[0881] FVIII-HC 및 FVIII-LC ELISA에 의한 발현 측정

[0882] ELISA를 이용하여 변이체의 발현을 정량화한다. FVIII-LC ELISA에 의해 FVIII의 A1 및 A2 도메인에서의 XTEN 삽입에 상응하는 DNA 작제물의 FVIII 항원 발현 수준을 분석한다. FVIII-HC ELISA에 의해 FVIII의 A3, C1 및 C2 도메인에서 XTEN 삽입에 상응하는 DNA 작제물의 FVIII 항원 발현 수준을 분석한다. 이 결과는 표 22에 제시되어 있다.

[0883] 수확 후 세포 배양 배지 중의 FVIII-XTEN 항원을 FVIII-LC ELISA의 경우 GMA011 항체(그린 마운틴 안티바디즈)에 의해 또는 FVIII-HC ELISA의 경우 GMA016 항체(그린 마운틴 안티바디즈)에 의해 포획한다. 4℃에서 밤새 항온처리하여 이뮬론(등록상표) 2HB 96웰 플레이트를 10㎕/웰의 항-FVIII 항체(2㎍/㎖)로 코팅한다. 이후, 플레이트를 트윈-20(PBST)과 포스페이트 완충제 식염수로 4회 세척하고 실온에서 1시간 동안 차단 완충제(10% 열 불활화 말 혈청을 갖는 PBST)로 차단한다.

[0884] 1x 차단 완충제를 사용하여 6웰 플레이트로부터의 FVIII-XTEN 변이체의 일시적 형질감염 배지로부터의 세포 배양 수확물을 원하는 FVIII 항원 범위로 희석한다. 시험 샘플로서 일치하는 배지 농도를 갖는 모의 형질감염 배지를 포함하는 1x FVIII 차단 완충제에서 FVIII 표준품을 제조한다. rFVIII 표준품의 범위는 50ng/㎖ 내지 0.39ng/㎖이다.

[0885] 표준품, 희석된 세포 배양 샘플 및 풀링된 정상 인간 혈장 검정 대조군을 이뮬론(등록상표) 2HB 96웰 플레이트에 이중으로 첨가하고(100㎕/웰) 37℃에서 2시간 동안 항온처리한다. PBST로 4회 세척 후, 100㎕의 HRP-양 항-hFVIII 항체(어피니티 바이올로지컬스, F8C-EIC-D)를 각각의 웰에 첨가하고 플레이트를 37℃에서 1시간 동안 항온처리한다. PBST로 추가로 4회 세척 후, 100㎕의 TMB 슈퍼 센시티브 기질(Super Sensitive Substrate)(BioFX)을 각각의 웰에 첨가한 후, 5 내지 10분 색상이 전개되었다. 색상 반응을 결정하기 위해, 50㎕의 H2SO4를 각각의 웰에 첨가하고, 450nm에서의 흡광도를 스펙트라맥스 플러스(모레큘러 디바이시스) 기기로 측정한다.

[0886] 소프트맥스 프로 소프트웨어(버전 5.4)를 사용하여 데이터 분석을 수행한다. 가장 낮은 수준의 정량화(LLOQ)는 0.0039㎍/㎖이었다. 이 결과는 표 22에 제시되어 있다.

[0887] 재조합 단백질의 응고촉진 활성 또는 숙주 세포에서 발현시키고자 하는 재조합 단백질의 능력을 제거함이 없이 XTEN 서열이 삽입된 투과성 자리는 FVIII의 각각의 3개의 A 도메인에서 루프 내에 클러스터 형성된다. 도 36은 도메인 A1, A2 및 A3에서 FVIII 활성을 나타내는 재조합 FVIII 단백질에서의 삽입 부위의 위치를 나타낸다. 도 33은 FVIII 활성을 나타내는 재조합 FVIII 단백질에서의 삽입 부위의 위치를 도시한 구조 표현을 나타낸다.

[0888] 투과성 자리는 용매 노출된, 고 가요성 표면 루프(XTEN 허용성 루프)에서 클러스터 형성된다. A1 도메인 루프는 성숙 인간 FVIII의 서열에서 각각 15번 내지 45번 및 201번 내지 232번의 아미노산 위치에 대략 상응하는 구역에서 위치한다(도 30). A2 도메인 루프는 성숙 인간 FVIII의 서열에서 각각 395번 내지 421번 및 577번 내지 635번의 아미노산 위치에 대략 상응하는 구역에서 위치한다(도 30). A3 도메인 루프는 성숙 인간 FVIII의 서열에서 각각 1705번 내지 1732번 및 1884번 내지 1917번의 아미노산 위치에 대략 상응하는 구역에서 위치한다(도 30). 도 37A 및 도 37B는 FVIII의 3차원 구조에서의 2차 구조에 대한 XTEN 허용성 루프의 위치를 나타낸다.

[0889] **실시예 47: 144개의 아미노산을 갖는 XTEN의 삽입을 갖는 CFXTEN**

[0890] 상기 제시된 예비 데이터(실시예 46)의 분석은 선형 폴리펩타이드 서열 내의 한정된 구역의 존재 및 XTEN 서열의 삽입을 수용할 수 있는 FVIII A 도메인의 3-D 구조를 제시한다. 이 가설을 시험하고 FVIII 활성의 손실 없이 XTEN 서열의 삽입을 수용할 수 있는 추정상 구역의 경계를 추가로 한정하기 위해, 배취 1 또는 2에 존재하지 않

는 23개의 추가의 삽입 부위를 선택하고 배취 3이라 지칭한다.

[0891] 아미노산 잔기 Gly(G), Ala(A), Pro(P), Ser(S), Thr(T) 및 Glu(E)를 포함하는 144개의 잔기 XTEN AE 폴리펩타이드 또는 아미노산 잔기 Gly(G), Ala(A), Pro(P), Ser(S) 및 Thr(T)을 포함하는 144개의 잔기 XTEN AG 폴리펩타이드의 삽입에 의해 배취 3 작제물을 생성한다. 144개의 잔기 AE 폴리펩타이드의 5개의 상이한 버전을 생성하고 XTEN-AE144-2A, XTEN-AE144-3B, XTEN-AE144-4A, XTEN-AE144-5A, XTEN-AE144-6B라 지칭한다. 아미노산 서열이 표 4에 기재되어 있다. 144개의 잔기 폴리펩타이드의 5개의 상이한 버전을 생성하고 XTEN-AG144-1, XTEN-AG144-A, XTEN-AG144-B, XTEN-AG144-C 및 XTEN-AG144-F라 지칭한다. 아미노산 서열이 표 4에 기재되어 있다.

[0892] 삽입 부위의 자리에서 기본 벡터 내의 가장 가까운 독특한 제한 자리에 걸친 DNA 분절(DNA 2.0, 미국 캘리포니아주 레드우드 시티 소재)의 화학 합성에 의해 DNA 서열을 코딩하는 144개의 잔기 XTEN를 도입한다.

[0893] 생성된 DNA 작제물이 XTEN 144 단백질 서열이 자리 선택에서 나타난 잔기 바로 후에 삽입되고 *AscI* 및 *XhoI* 자리에 의해 플랭킹된 FVIII 단백질을 코딩하도록 XTEN144 펩타이드에 상응하는 DNA 서열을 삽입한다.

[0894] 이 자리 이외에, 제한 효소 *AscI* 및 *XhoI*에 의한 AE42 폴리펩타이드 코딩 DNA 분절의 절제 및 동일한 자리에서 XTEN AE144 및 XTEN AG144 코딩 서열의 도입에 의해 XTEN AE42 폴리펩타이드의 삽입이 FVIII 응고촉진 활성을 폐지하지 않는 배취 1 및 2로부터의 자리를 변형한다. 이 배취 1, 배취 2 및 배취 삽입 부위의 위치가 표 III에 요약되어 있다. 도 34는 XTEN 144 삽입 부위의 위치를 나타내는 FVIII의 구조 표현을 제시한다.

[0895] 144개의 XTEN 삽입체를 갖는 전체 48개의 작제물을 생성한다. 작제물은 pSD0001-pSD0004, pSD0009-pSD0012, pSD0023-63이고[상기 범위는 모든 중간 숫자를 또한 포함함], 이의 서열은 표 21에 기재되어 있고, 이의 삽입 부위는 표 22에 기재되어 있다.

[0896] FVIII-XTEN 144 변이체의 발현

[0897] 폴리에틸렌이민(PEI, 폴리사이언시스 인크. 미국 펜실베니아주 웰링턴 소재) 또는 리포펙타민 형질감염 시약(인비트로겐, 미국 캘리포니아주 칼스바드 소재)을 사용하여 XTEN 144 삽입을 갖는 FVIII 변이체를 HEK293F 세포(인비트로겐, 미국 캘리포니아주 칼스바드 소재)로 형질감염시킨다. 일시적으로 형질감염된 세포를 293 프리스타일 배지 또는 293 프리스타일 및 CD Opti CHO 배지(인비트로겐, 미국 캘리포니아주 칼스바드 소재)의 혼합물 중에 성장시킨다. 세포 배양 배지를 형질감염 3-5일 후 수확하고 발색 FVIII 활성 검정에 의해 FVIII 발현에 대해 분석하고 본 명세서에 기재된 바대로 FVIII ELISA를 수행한다.

[0898] 일시적 형질감염으로부터의 세포 배양 배지를 센트리콘(등록상표) 스핀 칼럼(100kd 컷오프)에서 10배 농축시킨다. 이후, 농축된 재료를 플래시 냉동시키고 추가의 *실험실내* 분석 및 *생체내* PK 연구를 위해 -80℃에서 저장한다.

[0899] *실험실내 검정*

[0900] 삽입에 대한 FVIII 관용을 평가하기 위해, FVIII 발색 검정을 이용하여 세포 배양물로부터의 배양 배지 샘플 중의 FVIII 활성을 분석한다. FVIII-HC(FVIII 중쇄) 및 FVIII-LC(FVIII 경쇄) ELISA에 의해 항원 발현 수준을 분석한다.

[0901] 발색 검정에 의한 FVIII 활성 측정 및 FVIII-HC 및 FVIII-LC ELISA에 의한 발현 측정

[0902] 발색 및 ELISA 검정 방법을 기재된 바대로 수행한다. 얻은 결과는 표 23에 요약되어 있다.

[0903] 재조합 단백질의 응고촉진 활성 또는 숙주 세포에서 발현시키고자 하는 재조합 단백질의 능력을 제거함이 없이 XTEN 서열이 삽입된 투과성 자리는 FVIII의 각각의 3개의 A 도메인에서 루프 내에 클러스터 형성된다. 삽입된 더 짧은 XTEN 서열을 관용하는 동일한 XTEN 허용성 루프 구역은 더 긴 XTEN 서열의 삽입을 관용하는 것으로 밝혀졌다. 도 38은 도메인 A1, A2 및 A3에서 FVIII 활성을 나타낸 재조합 FVIII 단백질에서의 XTEN 144 삽입 부위의 위치를 나타낸다. 도 35는 FVIII 활성을 나타낸 재조합 FVIII 단백질에서 삽입 부위의 위치를 도시한 구조 표시를 나타낸다.

[0904] 이 관찰은 FVIII의 각각의 A 도메인 내의 2개의 구역이 FVIII 보조인자 활성의 손실 없이 XTEN 서열의 삽입을 수용할 수 있다는 것을 나타낸다. 이 소위 XTEN 허용성 루프(도 40 및 도 41)의 구조 도시는 이것이 각각의 A 도메인에서 구조적으로 유사한 위치를 점유하고 FVIII 분자의 일면으로부터 돌출한다는 것을 나타낸다. 확인된 XTEN 허용성 루프는 도 37A 및 37B에 도시된 바대로 A1, A2 및 A3 도메인의 3차원 구조에서 베타 스트랜드 사이에 위치한 고 가요성 루프에 상응한다.

[0905] 약동학에 의해 결정된 FVIII 반감기 연장에 대한 XTEN 144 삽입의 *생체내* 평가가 실시예 32에 기재되어 있다.

[0906] **실시예 48: FVIII의 a3 산성 펩타이드 구역 내의 XTEN 서열의 삽입에 의한 FVIII 발현의 구조 또는 증대.**

[0907] B 도메인 결실 VIII 인자의 코딩 서열이 조성물의 144개의 아미노산 잔기 각각의 2개 내지 4개의 XTEN 삽입 및 하기 표 44에 기재된 삽입 위치를 포함하는 FVIII-XTEN DNA 작제물로 부착성 HEK293 세포를 (실시예 24에 기재된 바대로) 형질감염시킨다. 형질감염 5일 후, (실시예 25에 기재된 바대로) 발색 검정에 의해 FVIII 활성에 대해 세포 배양 상청액을 평가한다. 이 결과는 표 44에 기재되어 있다.

표 44

1720 번 위치에서의 XTEN 및 1 개, 2 개 또는 3 개의 추가의 XTEN 삽입을 포함하는 CFXTEN 변이체에 의한 FVIII 활성의 발현 수준

[0908]

작제물 명칭	도메인, 위치 및 XTEN 삽입의 유형					활성(mIU/mL)
	A1	A2	a3	A3-1	A3-2	
LSD0040.002	26 AG144			1720 AG144		175
LSD0041.008		403 AE144		1720 AG144		279
LSD0045.002			1656 AG144	1720 AG144		2598
PSD080.002	26 AG144		1656 AG144	1720 AG144		1081
PSD083.001		403 AE144	1656 AG144	1720 AG144		789
PSD082.001	26 AG144			1720 AG144	1900 AE144	<LLOQ
PSD090.003	26 AG144		1656 AG144	1720 AG144	1900 AE144	316

[0909] 비교 목적을 위해, 모든 FVIII-XTEN 작제물은 A3 도메인 내에 1720번 아미노산 위치(전장 VIII 인자에 대해 넘버링됨)에서 AG144 XTEN 삽입을 갖는다.

[0910] FVIII-XTEN 변이체의 발현 수준을 발색 검정에 의해 결정하고 mIU/mℓ의 단위로 표시한다. A1 도메인에서 26번 위치(LSD0040.002) 또는 A2 도메인에서 403번 위치(LSD0041.008)에서 추가의 단일 XTEN 삽입을 갖는 작제물은 175 및 279mIU/mℓ의 발현 수준을 각각 생성한다. 반대로, a3 산성 펩타이드 내의 1656번 위치에서의 추가의 단일 XTEN 삽입을 갖는 작제물은 2598mIU/mℓ의 발현 수준을 발생시켜, A1 및 A2 삽입 작제물에 대한 a3 XTEN 삽입 작제물에 대한 발현 수준 증대를 나타낸다. 또한, A1 도메인에서의 26번 위치 및 A3 도메인에서의 1720번에서 XTEN 삽입(LSD0040.002)을 갖는 FVIII-XTEN 작제물과 비교하여, a3 산성 펩타이드 구역 내에 1656번 위치에서 추가의 XTEN 삽입(PSD080.002)을 갖는 작제물은 유의적으로 더 높은 발현(각각 175 및 1081mIU/mℓ)을 발생시킨다. 이 발견과 일치하게, A2 도메인에서의 403번 위치 및 A3 도메인에서의 1720번 위치에서 XTEN 삽입(LSD0041.008)을 갖는 작제물은 279mIU/mℓ의 발현 수준을 발생시키는 반면, a3 산성 펩타이드 구역 내의 1656번 위치에서의 추가의 XTEN 삽입(PSD083.001)은 발현 수준을 789mIU/mℓ로 증가시킨다. 마지막으로, A1 도메인 내의 26번 위치에서의 XTEN 삽입 및 A3 도메인 내의 1720번 및 1900번 위치에서의 2개의 XTEN 삽입(PSD082.001)을 갖는 FVIII-XTEN 작제물은 정량화의 하한치를 넘는 활성을 생성하지 않는다. 그러나, a3 산성 펩타이드 구역 내에 추가의 XTEN 삽입(PSD090.003)을 갖는 FVIII-XTEN 작제물은 검출 가능한 활성을 생성하고, 이는 a3 도메인 내의 XTEN 서열의 포함이 FVIII-XTEN 작제물에서 (활성에 의해 측정되는) 발현 회수를 발생시킬 수 있고, 이는 달리 정량화의 하한치 미만의 수준으로 발현된다. 실험 조건 하에, 이 결과는 a3 구역 내의 연장에 의해 1656번 위치에서의 XTEN의 삽입은 응고촉진 FVIII-XTEN 조성물의 발현을 증대시킨다는 결론을 지지한다.

[0911] **실시예 49: aPTT에 의해 측정된 FVIII 활성에 대한 XTEN 삽입의 효과**

[0912] (실시예 25에 기재된) 발색 검정 이외에 1단계 활성화 부분 프로트롬빈(aPTT) 응고 검정을 이용하여 다양한 FVIII-XTEN 융합 단백질의 FVIII 활성을 결정한다.

[0913] 방법: 시스멕스(Sysmex) CA-1500 기기(Siemens Healthcare Diagnostics Inc.(미국 뉴욕주 테리타운))를 사용하

여 FVIII-XTEN aPTT 활성을 측정한다. 검정에 대한 표준 곡선을 생성하기 위해, WHO VIII 인자 표준품을 2% 모의 형질감염 배지로 100mU/㎖로 희석하고, 이후 2배 연속 희석 시리즈를 수행하고, 마지막 표준품은 0.78mU/㎖이 된다. FVIII-XTEN 세포 배양 샘플을 처음에 aPTT 검정 완충제로 1:50로 희석하고, 필요한 바대로 2% 모의 형질감염 배지로 추가의 희석을 만든다.

[0914] 희석 후, 시스멕스 기기를 사용하여 aPTT 검정을 하기한 대로 수행한다: 50㎕의 희석된 표준품 및 샘플을 50㎕의 인간 FVIII 결핍 혈장 및 이어서 50㎕의 aPTT 시약과 혼합한다. 혼합물을 37℃에서 4분 동안 항온처리하고, 항온처리 후, 50㎕의 $CaCl_2$를 혼합물에 첨가하고, 응고 시간을 즉시 측정한다. 시험 샘플 FVIII 활성을 결정하기 위해, 반로그 스케일(응고 시간: 선형; 표준 농도: 로그)을 이용하여 표준품의 응고 시간을 작도하여 응고 시간과 FVIII 활성 사이의 방정식을 외삽하고, 표준 곡선에 대해 FVIII-XTEN 활성을 이후 계산한다. 검정 감수성은 40mU/㎖ VIII 인자이다.

[0915] 결과: 이 결과는 도 44 내지 도 46에 요약되어 있다. 144개 또는 288개의 아미노산의 단일 XTEN이 FVIII로 삽입될 때, 발색 검정에서 활성을 나타내는 모든 FVIII-XTEN 융합 단백질은 또한 aPTT 검정에서 활성이다. aPTT 활성은 발색 검정의 경향을 따르고, 예를 들면 발색 검정에서 낮은 FVIII 활성을 나타낸 분자는 또한 낮은 aPTT 값을 갖는다. 일반적으로, 융합 단백질에 대한 aPTT 결과는, 단일 XTEN 삽입에 대해 도 44에 예시된 바대로 1.1 내지 2.2 이하의 aPTT 비율에 대한 발색으로, 발색 검정에 의해 얻은 것보다 낮다. 다수의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII-XTEN 융합 단백질은 일반적으로 발색 검정과 비교하여 aPTT 활성 감소를 추가로 나타낸다. 2개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII-XTEN의 검정은 모든 작제물과, 그러나 몇몇 경우에 4에 근접하는 발색/aPTT 비율로 활성을 나타냈다(도 45). 몇몇 3개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII-XTEN의 검정은 또한 몇몇 경우에 5에 근접하는 발색/aPTT 비율로 검정 둘 다에서 활성을 나타냈고(도 46), BDD-FVIII 대조군에 대한 비율은 더 필적하였다(도 46의 오른쪽). 추가로, XTEN 삽입의 자리는 aPTT와 발색 활성 사이에 나타난 차이에 기여하는 것으로 보인다. 예를 들면, 2개의 XTEN 삽입을 갖는 몇몇 분자가 발색 값보다 4배 이하의 더 낮은 활성을 발생시키지만, 2개의 XTEN을 갖는 다른 FVIII 분자의 aPTT 활성은 발색 활성에 쾌 필적하였다(도 45). 3개의 XTEN 삽입을 갖는 몇몇 분자는 발색 활성보다 5배 이하 낮은 활성을 나타내고, 3개의 XTEN을 갖는 다른 FVIII 분자는 발색 활성보다 2배 미만 낮은 aPTT 활성을 가졌다(도 45). 실험 조건 하에, 이 결과는 FVIII-XTEN 융합 단백질 작제물이 응고촉진 활성을 보유하지만, 발색 검정이 일반적으로 연구에서 사용된 aPTT 검정 시스템에서보다 높은 활성 수준을 제공한다는 결론을 지지한다.

[0916] **실시예 50: FVIII 반감기 연장의 XTEN 삽입 부위의 효과에 대한 평가**

[0917] 방법: (실시예 32에 일반적으로 기재된 바대로) FVIII/VWF DKO 마우스에서 한정된 위치에서 단일 XTEN AG-144 삽입을 갖는 6개의 FVIII-XTEN 융합 단백질을 시험하여 FVIII 반감기에 대한 XTEN 삽입 부위의 효과를 평가한다. A1, A2, a3, A3-구역 1(A3-R1), A3-구역 2(A3-R2) 내에 또는 C 말단에서 XTEN 삽입을 갖는 (표 1에 기재된) 6개의 대표적인 XTEN 변이체를 이 연구에 선택하고, 기본 벡터로부터 생성된 BDD-FVIII을 대조군으로서 사용한다. 100-200IU/kg에서 6개의 FVIII-XTEN 작제물(또는 양성 대조군 배지)로부터의 일시적 형질감염 세포 배양 배지 농축물의 단일 정맥내 투여로 FVIII/VWF DKO 마우스를 치료하고, 투약 5분, 7시간 및 16시간 후 혈장 샘플을 후속하여 수집한다. FVIII 발색 검정을 이용하여 혈장 FVIII 활성을 시험하고, 윈논린 프로그램을 이용하여 FVIII-XTEN 반감기를 예측한다. 연구 데이터는 표 45 및 도 47에 요약되어 있다.

[0918] 결과: BDD-FVIII 대조군과 비교하여 시험된 모든 FVIII-XTEN 변이체에 유의적으로 더 긴 반감기가 관찰되었지만, 반감기 증가의 정도는 변하고, 403 삽입 부위에서 XTEN을 갖는 변이체는 (대조군과 비교하여) 10배로 최소 반감기 연장을 부여하고, 1900 삽입 변이체는 18배로 최대 반감기 연장을 부여한다. FVIII 반감기 연장에서의 XTEN 삽입 부위의 차이는 생체내 FVIII 청소에서 상이한 FVIII 도메인의 역할을 반영할 수 있다.

표 45

FVIII/VWF DKO 마우스에서 FVIII-XTEN 단일 AG-144 삽입 변이체 PK

처리	BDD-FVIII	pSD-050	pSD-0003	pSD-0039	pSD-0010	pSD-063	pSD-014
삽입 자리	무	26	403	1656	1720	1900	CT
회수율	21.3	33.8	34.8	36.0	33.6	39.6	32.4
t1/2 (hr)	0.25	3.15	2.4	3.3	4.28	4.54	3.91
t1/2 증가(배수)		13	10	13	17	18	16

[0919]

[0920] **실시예 51: FVIII 반감기 연장에 대한 XTEN 삽입의 부가 효과의 평가.**

[0921] 방법: FVIII-XTEN 융합 단백질 반감기에 대한 다수의 XTEN 삽입의 효과를 평가하기 위해, (실시예 32에 일반적으로 기재된) 5개의 작제물로부터의 세포 배양 농축물을 사용하여 FVIII-XTEN DKO 마우스에서 1-3개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII-XTEN 변이체의 반감기를 결정한다. 5개의 FVIII-XTEN 변이체를 연구에서 시험한다: 1900번 위치(인자에 대해 넘버링됨)에서 AE144 삽입을 갖는 pSD-062; FVIII B 도메인에서 AE144를 갖는 pSD-0005(B 도메인 745번 아미노산); FVIII C 말단(CT)에서 AE288을 갖는 pSD-0019; B 도메인에서 삽입된 AE144 및 C 말단에서 삽입된 AE288을 갖는 LSD0003.006 및 B 도메인과 1900번 위치에서 및 C 말단에서 삽입된 AE144, AE144 및 AE288의 3개의 XTEN을 갖는 LSD0055.021. FVIII-윈논린 프로그램을 이용하여 XTEN 반감기 값을 예측한다.

[0922] 결과: 이 연구 결과는 표 46에 요약되어 있고, PK 곡선은 도 48에 도시되어 있다. 이 연구 결과는 FVIII 반감기 연장에 대한 다수의 XTEN 삽입의 부가 효과를 명확히 나타낸다. 단일 XTEN 삽입으로, FVIII의 반감기는 13 내지 16배 증가인 0.25시간으로부터 3.2-4.0시간으로 연장된다. B 및 CT XTEN 삽입이 함께 조합될 때, FVIII 반감기는 42배 연장인 10.6시간으로 추가로 연장된다. 마지막으로, B/CT 작제물의 1900번 위치에서 첨가된 제3 XTEN 삽입의 경우, 반감기는 FVIII-VWF DKO 마우스에서 64배 증가인 16시간에 도달하였다.

표 46

FVIII/VWF DKO 마우스에서 FVIII $t_{1/2}$에 대한 XTEN 삽입의 부가 효과

처리	BDD-FVIII	pSD-062	pSD-0005	pSD-0019	LSD-0003.006	LSD-0055.021
XTEN 삽입 자리	무	1900	B	CT	B/CT	1900/B/CT
회수율	21.3	35.3	44.9	33.3	39.0	37.2
t1/2 (hr)	0.25	3.8	3.2	4.0	10.6	16.0
t1/2 증가(배수)		15	13	16	42	64

[0923]

[0924] **실시예 52: 베데스다 검정을 이용한 항-FVIII 항체의 결합을 방해하는 FVIII-XTEN의 평가**

[0925] 항-FVIII 억제 항체를 갖는 환자를 치료하는 데 있어서의 유용성을 결정하기 위해 FVIII-XTEN 융합 단백질에 대한 이미 존재하는 항-FVIII 항체에 의한 결합을 방해하는 FVIII 분자에서의 XTEN 삽입의 능력을 평가하였다.

[0926] 방법: 항-FVIII 항체의 결합을 평가하기 위해, VIII 인자 억제제(04-483, 05-505 및 GK1838-2079라 칭함)를 갖는 3명의 A형 혈우병 환자로부터의 혈장 샘플에 대한 레팍토(시판되는 rFVIII), 및 어피니티 바이올로지컬스 인크로부터의 양 항-FVIII 다중클론 항체(F8C-EIA-C)와 비교하여 2개의 FVIII-XTEN 변이체(26/403/1656/1900번 위치에서 삽입된 144 XTEN을 갖는 PSD088; 및 26/1656/1720/1900번 위치에서 삽입된 144 XTEN을 갖는 PSD-090)를 시험한다. 하기 자세히 기재된 바대로 변형 베데스다 검정 방법을 이용하여 2개의 FVIII-XTEN 변이체(pSD-088 및 pSD-090)에 대한 4개의 항-FVIII ab 및 레팍토 대조군의 베데스다 역가를 결정한다. 다양한 희석의

열 불활화 항-FVIII 항체 샘플을 1:1 비율의 1IU/㎖의 각각의 FVIII 변이체(FVIII 발색 검정 완충제 중에 1X 중에 희석)와 항온처리한다. 이후, FVIII/항체 혼합물을 37℃ 항온처리기에서 2시간 동안 항온처리한다. 항온처리 후, 샘플을 1 x FVIII 발색 검정 완충제로 10배로 희석하고, 이후 25㎕의 희석된 혼합물을 FVIII 발색 검정에 대해 사용하고, 공지된 비중화 샘플의 항온처리 후 활성에 대해 남은 FVIII 활성의 백분율을 계산한다. 하기 식을 이용하여 베데스다 단위를 계산한다: BU = 희석 X 인자(LN(잔여 활성의 백분율) + 6.6438).

[0927] 결과: 이 결과는 표 47에 기재되어 있다. 레팍토와 비교하여 2개의 FVIII-XTEN 변이체에 대해 시험할 때 모든 4개의 항체에 대해 베데스다 단위(BU) 역가 감소가 관찰되었다. PSD-088에 대한 5배 내지 8배 감소 및 pSD-090에 대한 3배 내지 5배 감소가 각각 얻어졌다. 각각의 항체에 대한 FVIII 변이체에 대한 억제 곡선을 작도하고(도 49), 레팍토와 비교하고, 2개의 FVIII-XTEN 분자에 대한 억제 곡선의 명확한 왼쪽 이동을 나타내고, pSD-088 FVIII-XTEN 변이체는 pSD-090과 비교하여 추가의 왼쪽 이동을 발생시킨다. 이 결과는 1) FVIII-XTEN 변이체 융합 단백질 둘 다 레팍토보다 이미 존재하는 항-FVIII 억제 항체에 더 내성이고; 2) PSD-088이 PSD-090보다 항-FVIII 항체에 더 내성이라는 것을 명확히 나타내어, 항-FVIII 항체의 결합을 방해하는 데 있어서 XTEN 삽입 부위에서 차이를 결정하는 데 유용한 정보를 제공할 수 있다. 실험 조건 하에, 이 결과는 VIII 인자 억제제를 갖는 A형 혈우병 환자를 치료하기 위한 FVIII-XTEN 조성물의 잠재적 용도에 대한 몇몇 지지를 제공한다.

표 47

FVIII-XTEN 변이체에 대한 항-FVIII 항체 베데스다 역가

[0928]

항-FVIII 항체 / FVIII	04-483	05-505	GK1838-2079	F8C-EIA-C
pSD-088(16/403/1656/1900)	2.5	8	47	57
pSD-090(26/1656/1720/1900)	3.4	12	55	96
레팍토	12	66	268	337

[0929] **실시예 53: A형 혈우병 마우스에서 4개의 XTEN 삽입을 포함하는 FVIII XTEN 융합 분자의 반감기 평가**

[0930] 방법: FVIII/VWF DKO 마우스에서 각각 한정된 위치에서 4개의 XTEN 삽입을 갖는 8개의 FVIII-XTEN 융합 단백질을 시험하여 FVIII 반감기 연장에 대한 XTEN 삽입의 효과를 평가한다: 403-AG144, 1900-AE144, 745(B)-AE144, 2332(CT)-AE288 XTEN 삽입(FVIII 아미노산 수 및 삽입된 XTEN으로 지칭)을 포함하는 LSD0071.001; 403-AE144, 1900-AE144, 745(B)-AE144, 2332(CT)-AE288 XTEN 삽입을 포함하는 LSD0071.002; 403-AG144, 1900-AG144, 745(B)-AE144, 2332(CT)-AE288 XTEN 삽입을 포함하는 LSD0072.001; 403-AE144, 1900-AG144, 745(B)-AE144, 2332(CT)-AE288 XTEN 삽입을 포함하는 LSD0072.002; 18-AG144, 403-AE144, 1656-AG144, 2332(CT)-AE288 XTEN 삽입을 포함하는 pBC0247.004; 18-AG144, 1656-AG144, 1900-AE144, 2332(CT)-AE288 XTEN 삽입을 포함하는 pBC0251.002; 26-AG144, 403-AE144, 1656)-AG144, 1900-AE144 XTEN 삽입을 포함하는 pSD088 및 26-AG144, 1656-Ag144, 1720-AG144, 1900-AE144 XTEN 삽입을 포함하는 pSD090. 실시예 32에 일반적으로 기재된 바대로 100-200IU/kg에서의 8개의 작제물의 FVIII-XTEN 형질감염 세포 배지 농축물의 단일 정맥내 투여로 FVIII/VWF DKO 마우스를 치료하고, 투약 5분, 8시간, 24시간, 48시간, 72시간 및 96시간 후 혈장 샘플을 후속하여 수집한다. FVIII 발색 검정을 이용하여 혈장 FVIII 활성을 시험하고, 윈논린 프로그램을 이용하여 FVIII-XTEN 반감기를 예측한다.

[0931] 결과: 4개의 XTEN 삽입을 포함하는 모든 8개의 FVIII XTEN 융합 분자는 비변형 FVIII보다 더 긴 반감기를 나타낸다(표 48에서의 결과). B 도메인 403, 1900번 위치 및 C 말단에서 XTEN 삽입을 갖는 3개의 분자는 16.3시간 이하의 반감기를 성취하였고, 이는 비변형 BDD FVIII과 비교하여 65배 개선이다. 그러나, 26/403/1656/1900(pSD088) 또는 26/1656/1720/1900(pSD090)에서 XTEN 삽입을 갖는 시험된 분자는 각각 9.1시간 및 9.5시간의 반감기를 나타냈고, BDD FVIII과 비교하여, 이는 각각 36배 및 38배 증가를 나타낸다. pBC247.004(18/403/1656/CT에서의 XTEN 삽입) 및 pBC251.002(18/1900/1656/CT에서의 XTEN 삽입)는 각각 14.1시간 및 13시간의 반감기 값을 성취한다. 이 결과는 다수의 XTEN 삽입(이 경우, 각각의 FVIII 분자에 4개의 XTEN 삽입)이 FVIII 반감기를 유의적으로 개선할 수 있다는 것을 나타낸다. FVIII 반감기에 대한 XTEN의 효과는 다수의 XTEN 삽입의 경우에도 삽입 부위 의존적이라는 것을 추가로 나타낸다.

표 48

FVIII/VWF DKO 마우스에서 4 개의 XTEN 삽입을 갖는 FVIII-XTEN 변이체의 PK

처리	XTEN 삽입	t 1/2(hr)	t1/2 증가(배수)
BDD-FVIII	없음	0.25	NA
LSD0071.001	403AG/1900AE/B/CT	16.2	64.8
LSD0071.002	403AE/1900AE/B/CT	16.3	65.2
LSD0072.001	403AG/1900AG/B/CT	11.8	47.2
LSD0072.002	403AE/1900AG/B/CT	16.1	64.4
pBC247.004	18/403/1656/CT	14.1	56.4
pBC251.002	18/1900/1656/CT	13.0	52
pSD088	26/403/1656/1900	9.1	36.4
pSD090	26/1656/1720/1900	9.5	38

[0932]

표 49

예시적인 생물학적 활성, 예시적인 검정 및 바람직한 적응증

생물학적 활성 단백질	생물학적 활성	예시적인 활성 검정	바람직한 적응증:
VIII 인자(VIII 인자; 옥토코그(Octocog) 알파; 모록토코그(Moroctocog) 알파; 재조합 항혈우병 인자; 노르디아트 (Nordiate); 레콰토; 코게네이트; 코게네이트 SF; 헬릭세이트 (Helixate); 리콤비네이트 (Recombinate))	응고 VIII 인자는 지혈의 필수 인자이다. 이 유전자는 응고 VIII 인자를 코딩하고, 이 인자는 혈액 응고의 내인성 경로에 참여한다; VIII 인자는 Ca+2 및 인지질의 존재 하에, X 인자를 활성화된 Xa 형태로 전환하는 IXa 인자에 대한 보조인자이다. 이 유전자는 2개의 교대하여 스플라이싱된 전사체를 생성한다. 전사체 변이체 1는 혈장에서 순환하고 비공유 복합체에서 폰빌레브란트 인자와 회합되는 동형단백질 a인 큰 당단백질을 코딩한다. 이 단백질은 다수의 개열 사건을 겪는다. 전사체 변이체 2는 VIIIc 인자의 인지질 결합 도메인으로 주로 이루어진 동형단백질 b인 작은 단백질을 코딩한다. 이 결합 도메인은 응고 활성에 필수적이다. 이 유전자에서의 결함은 일반 열성 X 연관 응고 장애인 A형 혈우병을 발생시킨다.	크로모게닉 검정(Rosen S, Scand J Haematol (1984) 33 (Suppl 40):139-45); 크로모게닉 코아마틱® VIII 인자 검정; 1단계 응고 검정(Lethagen, S., et al., Scandinavian J Haematology (1986) 37:448-453). 1단계 응고 검정 및 2단계 응고 검정 (Barrowcliffe TW, Semin Thromb Hemost. (2002) 28(3):247-256); 임상 용도를 위한 단순한 크로모게닉 VIII 인자 검정의 개발. (Wagenvoord RJ, Hendrix HH, Hemker HC. Haemostasis 1989; 19(4): 196-204) 베데스다 검정 (Verbruggen B, et al. Improvements in factor VIII inhibitor detection: From Bethesda to Nijmegen. Semin Thromb Hemost. 2009 Nov;35(8):752-759)	A형 혈우병; 출혈; VIII 인자 결핍증; VIII 인자 억제제를 갖는 환자에서 출혈 에피소드; 수술 관련 출혈 에피소드

[0933]

표 50

FVIII 및 내부/외부 XTEN 서열을 포함하는 예시적인 CFXTEN(출현 순서에서 각각 서열 번호 1537-1554)

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
FVIII BDD2(A1-K127 - AE144-V128-N745-AE288-P1640-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPT STEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGVFPGGSHTYVWQVL KENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLF AVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVY WHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHIS SHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFI QIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKV RFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPL YSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLA SGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKM VYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDY YEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEM KKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQF KKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSS LISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLE KDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRA PCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSG HVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVY SNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDL LAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSG IKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSY FTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVK SLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYL RIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD2(A1-A375-AE576-K376-N745-AE144-P1640-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLA

[0934]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	PDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGD TLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVED GPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSV FDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAY WYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCH NSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSE PATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKK EDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKK VVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLIS YEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKD VHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPC NIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGH VFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYS NKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLL APMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSY FTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVK SLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYL RIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD2 (A1-Y1792-AF144-E1793-Y2332-AE864)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLK RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYGGTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGT SPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPG TSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAP GEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKD VHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPC NIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGH VFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYS NKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLL APMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSY FTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVK SLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYL RIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSA

[0935]

[0936]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	PGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPE SGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPS EGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTS ESATPESGPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD2 (A1-Y2043-AG144-G2044-Q2222-AG864-V2223-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLK RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGPGS SPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSGGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDL LAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSG IKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSY FTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQGGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPS ASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTAS SSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPS ASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTS MYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS

[0937]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	WVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD2 (A1-G1799-AE144-A1800-F2093-AE42-S2094-V2223-AE42-N2224-AE42-N2225-G2278-AE42-K2279-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTV HLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGA EYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDL NSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASA RAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNH RQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKN NEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDY APLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLL YGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYK WTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSD KRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQL SVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMEN PGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSF SQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKK TRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGE LNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGGGSEPATSGS ETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATS GSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSTEPSEGSAPGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKA WAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWY FTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSM GSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGE HLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINA WSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPGSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSS GIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITAS SYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVGPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEPATSGGNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEF LISSSQDGHQWTLFFQNGGTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPA TSGSKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDL Y
FVIII BDD2 (A1-R28-AG144-F29-G244-AG288-L245-R2090-AG576-Q2091-Y2332-AG864)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARGPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGT PGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SGFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVV ITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVL KENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLF AVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGGPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPS GATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSP SASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGS SPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSGLIGCHRKSVY WHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHIS SHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFI QIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKV RFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPL YSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLA SGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQL EDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKM VYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDY YEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEM

[0938]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	KKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQF KKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSS LISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLE KDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRA PCNIQMEDPTFKENYRFHAGINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFS GHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLV YSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKH NIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLL TSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHP QSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSG SETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAP
FVIII (A1-T1651-AG576-R1652-K1808-AG144-P1809-F2093-AG288-S2094-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHPS TRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLLMLLRQSPTPHGLSLSDL QEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFTPESGLQLRLNEKLGT TAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSMPVHYDSQLDTTLFG

[0939]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	KKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTESGRLFKGKRAHG PALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSVWQNILESDTEF KKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPIPPDAQNPDMS FFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNFLSEKNKVVV GKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKKETLIQENV VLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNRTKKHT AHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQFRLPLE ETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSHSIPQ ANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAKKN NLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPKV HIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAK TPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAIN EGQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITGPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSSGRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMK KEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFK KVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLI SYEEDQRQGAEPRKNFVKGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGPNETKTYFW KVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTV QEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPG LVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEM LPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQW APKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFGPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSP SASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGA SPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSGSSLYISQFIIMYSL DGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMEL MGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQV NNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGK VKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD2 (A1-A28-AG42-F29-E124-AG42-D125-E124-AG42-D125-	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDAGGAPSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGPSGPGRFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMG LLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEGGP GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGDDKVFPGGSHTYVWQV LKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILL FAVFDEGGSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAGKSWHSE TKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNSSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVH SIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKV DSCPEEPGSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGGQLRMKN NEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYA PLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLY

[0940]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
P333-AG42-Q334-Y2332)	GEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWT VTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRN VILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCL HEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWI LGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPP VLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFI AAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLG LLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYF WKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTL PGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETV EMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYG QWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIM YSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLR MELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWTPSKARLHLQGRSNAW RPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFF QNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII (A1-D345-AE144-Y346-D403-AE144-R405-R1797-AE288-Q1798-Y2322)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQ IRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDGGTSTPESGSASPGTSPSGESST APGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESS TAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGE SSTAPGRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGE VGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVT VEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVIL FSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHE VAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILG CHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHP STRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLLMLLRQSPTPHGLSLSD LQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFTPESGLQLRLNEKLG TTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSMPVHYDSQLDTTLF GKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTESGRLFKGKRAH GPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSVWQNILESDTE FKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPIPPDAQNPDM SFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNFLSEKNKVV VGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKKETLIQEN VVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNRTKKH TAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQFRLPL EETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSHSIP QANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAKK NNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPK VHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSA KTPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAI NEGQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVE MKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVP QFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFY

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	SSLISYEEDQRGGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY	
FVIII(A1-N745)-AE864-(P1640-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPK

[0941]

[0942]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	EWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVF QGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD9(A1-N745)-AE288-(P1640-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPPVLK RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLD GKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVN NPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD9(A1-S743)-AE288-(Q1638-Y2332)	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSGGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGQNPPVLK RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLD GKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVN NPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD9(A1-N745)-AG288_2-(P1640-Y2332)-AG288_2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSGPPVLK RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLD GKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVN NPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGAGSP GAETAPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGS SPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSGAETAEQKLISEEDLSPATG
FVIII BDD9(A1-S743)-AG288_2-(Q1638-Y2332)-AG288_2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV

[0943]

[0944]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGGTSE TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSGQNPPVLK RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLD GKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVN NPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGAGSP GAETAPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGS SPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSP GSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATG SPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSGAETAEQKLISEEDLSPATG
FVIII BDD10(A1 - N745)-AE288-(P1640-Y2332)-AE288	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGPPVLK RHQAEITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLD GKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVN NPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD10(A1 - S743)-AE288-(Q1638-Y2332)-AE288	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSGGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTST EPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGS PAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGP GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGQNPPVLK RHQAEITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLG PYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWK VQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQ EFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGL VMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEML PSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLD GKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVN NPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGGTSES ATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTS TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG SPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESG PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG SAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD10(A1 - N745)-AG288_2-(P1640-Y2332)-AG288_2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV

[0945]

[0946]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPPVLKR HQAEITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVE RLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGP YIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKV QHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQE FALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLV MAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLP SKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAP KLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMG CDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNN PKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVK VFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGAGSPG AETAPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGS PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSGAETAEQKLISEEDLSPATG
FVIII BDD10(A1 - S743)-AG288_2-(Q1638-Y2332)-AG288_2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDH LFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEY DDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNS GLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARA WPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQA SLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEE AEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLV LAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEV GDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTV EDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILF SVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGC HNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSGPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSQNPPVLKR HQAEITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVE RLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGP YIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKV QHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQE FALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLV MAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLP

[0947]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	SKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAP KLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMG CDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNN PKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVK VFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGAGSPG AETAPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGS PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSGAETAEQKLISEEDLSPATG

서열 명칭은 FVIII 분절 (성숙 서열에 대해 아미노산에 걸친 번호) 및 XTEN 성분의 N 말단에서 C 말단 구성을 반영한다

표 51

FVIII, 개열 서열 및 XTEN 서열을 포함하는 예시적인 CFXTEN(출현 순서에서 각각 서열 번호 1555-1590)

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
SP-AE288-CS-L-(FVIII_1-745)-AE288-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AE288	MQIELSTCFFLCLLRFCFSGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT STEPSEGSAPQSPRSFQGPEGPSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPK SFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHP VSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPL CLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSE TKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHS IFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDS CPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIA AEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHES GILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEI FKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIM SDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQL SVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPG LWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQN GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG PGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE SGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPQSPRSFQK KTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGE LNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNE TKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHG RQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMD TLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETV EMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQ WAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSL DGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELM GCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNN PKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKV FQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGPEGPSQSP RSFQGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP ESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESAT PESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESA TPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
SP-AE576-CS-L-(FVIII_1-745)-AE576-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AE288	MQIELSTCFFLCLLRFCFSGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAPQSPRSFQGPSGPATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSV

[0948]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	VYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVG VSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYL SHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQ DRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTF LVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLR MKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWD YAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLY GEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTV TVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVIL FSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVA YWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMS SSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNI MVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDE FDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKS WYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLS MGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEH LHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWST KEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLM VFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAIS DAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGV TTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPL LTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGPEGPSQSPRSFQGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
SP-(FVIII_1-745)-AE576-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AE576	MQIELSTCFFLCLLRFCFSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPF NTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSL HAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLT YSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKN SLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLE GHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEE PQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEE DWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILG PLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYK WTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKR NVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCL HEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWIL GCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT

[0949]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	SESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSG SETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPT STEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPQSPRSFQKKTRHYFIAAVER LWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIR AEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHH MAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFF TIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQ RIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWR VECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYS GSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRG NSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPL GMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQK TMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPV VNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGPEGPSQSPRSFQGSPAGSPT STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
SP-AE576-CS-L-(FVIII_1-745)-AE576-(FVIII_1686-2332)	MQIELSTCFFLCLLRFCFSGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAPQSPRSFQGPEGPSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTS VVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAV GVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSY LSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLM QDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHT FLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQL RMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDW DYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLL YGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWT VTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVI LFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEV AYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCH NSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGSPAGSP TSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEP

[0950]

[0951]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTST EPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSE SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG TSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEE GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWD YGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEV EDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAP TKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIF DETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIR WYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVE CLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGS INAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNS TGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLG MESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKT MKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVV NSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
SP-AE576-CS-L-(FVIII_1-743)-AE288-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AE576	MQIELSTCFFLCLLRFCFSGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAPIEPRSPSGSPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVV YKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGV SYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLS HVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQD RDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFL VRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLR MKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWD YAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLY GEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTV TVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVIL FSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVA YWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSGTSESATPESG PGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGS APGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPQSPRSFQKKTRHYFIAAVER LWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIR AEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHH MAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFF TIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQ RIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWR

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	VECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYS GSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRG NSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPL GMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQK TMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPV VNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGSPGIEPRSPSGSPAGSPTST EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS APGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEG SAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESAT PESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPS EGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP SEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA TPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
SP-AG288-CS-L-(FVIII_1-743)-AG576-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AG288	MQIELSTCFFLCLLRFCFSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSST PSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS STPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSIEPRSPSGSPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKS FPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPV SLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLC LTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSET KNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIF LEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCP EEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAE EEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGI LGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFK YKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSD KRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSV CLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGL WILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSS TPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGS PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTG SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGAT GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGA TGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSQSPRSFQKKTRHYFIAAVE RLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYI RAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHH MAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFF TIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQ RIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWR VECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYS GSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRG NSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPL GMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQK

[0952]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	TMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPV VNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGSPGQSPRSFQPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAST GTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGT SSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS
SP-AG576-CS-L-(FVIII_1-745)-AG288-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AE576	MQIELSTCFFLCLLRFCFSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSP SASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGAS PGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGS STPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG SSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSQSPRSFQGSPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVV YKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGV SYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLS HVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQD RDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFL VRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLR MKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWD YAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLY GEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTV TVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVIL FSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVA YWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAS TGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPG TSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSQSPRSFQKKTRHYFIAAV ERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGP YIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQ HHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFA LFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQ DQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGI WRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARL HYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQT YRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCS MPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQV DFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDS FTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGSPGQSPRSFQGSPAGS PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTST EPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGT SESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEE

[0953]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
SP-(FVIII_1-743)-AG576-(FVIII_1686-2332)-L-CS-AG576	MQIELSTCFFLCLLRFCFSATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATG

[0955]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
(FVIII_1686-2332)-L-CS-AE288	SFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHP VSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPL CLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSE TKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHS IFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDS CPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIA AEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHES GILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEI FKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIM SDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQL SVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPG LWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGS STPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPG SSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGP GSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSQSPRSFQKKTR HYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKT YFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLP GLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEM LPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGC DLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPK EWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQ GNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGPSGPQSPRSF QGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPES GPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATP ESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
SP-AE576-CS-L-(FVIII_1-743)-AG576-(FVIII_1686-2332)	MQIELSTCFFLCLLRFCFSGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAG SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTS ESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEG SAPQSPRSFQGSPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVV YKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGV SYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLS HVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQD RDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFL VRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLR MKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWD YAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLY GEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTV TVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVIL

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	FSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVA YWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHN SDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGT SSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSA STGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSP SASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMS SSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNI MVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDE FDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKS WYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLS MGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEH LHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWST KEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLM VFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAIS DAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGV TTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPL LTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
FVIII BDD2 S367-FXIa-AE42-F368-Y2332-FXIa-AE864	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNSSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSKLTRAETGEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGS EPATSGSGFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRI GRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGI TDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNM ERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAG VQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKH KMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGD YYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEM KKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFK KVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLIS YEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDV HSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQ MEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTV RKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQT PLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHG IKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPI IARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWT PSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEF LISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIAL RMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA

[0956]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATS GSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD2 N745- FIXa- AG288- FIXa- P1640- Y2332- FIXa- AG864	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPLGRIVGGPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTG PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTG SPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSGPLGRIVGGPPVLKRHQREITRT TLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSS SPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIM VTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEF DCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKS WYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLS MGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEH LHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWST KEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLM VFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAIS DAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGV TTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPL LTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYPLGRIVGGGASPGTSSTGSPGSSPSASTG TGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGT SSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGA SPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTG PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGT

[0957]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	GPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGA TGSPGASPGTSSTGSP
FVIII BDD2 V128- FVIIa- AG42- FVIIa- G2044- FVIIa- AG144- Y2332- FVIIa- AG576	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVLQVRIVGGGAPSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGP SGPGLQVRIVGG FPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAK EKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLP GLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDL GQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFD DDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIG RKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGIT DVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNME RDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGV QLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHK MVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDY YEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMK KEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKK VVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISY EEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVH SGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQM EDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVR KKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTP LGMASGHIRDFQITASGQYGLQVRIVGGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGLQVRIV GGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFII MYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLR MELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRP QVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNG KVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYLQVRI VGGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSG TASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGS GTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP SGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSST PSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSS TPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGS STPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPG SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGS
AE864- FVIII- 트롬빈- AE144	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA

[0958]

[0959]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGE LPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYD TVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQ VLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILL FAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYW HVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQ HDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSV AKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYT DETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKG VKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLIC YKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIM HSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFS GETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLS KNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLL MLLRQSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFT PESGLQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSM PVHYDSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTE SGRLFKGKRAHGPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSV WQNILESDTEFKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPI PPDAQNPDMSFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNF LSEKNKVVVGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKK ETLIQENVVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNR TKKHTAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQF RLPLEETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSH SIPQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAK KNNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPK VHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAK TPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINE GQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKK EDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKV VFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEE DQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSG LIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMED PTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKK EEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLG MASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKT QGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIAR YIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSK ARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISS SQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRME VLGCEAQDLYGLTPRSLLVGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD3-FXIIa-AE144	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS

[0960]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQGEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYGTMTRIVGGGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD3-엘라스타제-AE144	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQGEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYGGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD3-FXIa-AE144	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQGEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYGKLTRAETGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD3-트롬빈-AE144	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQGEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYGLTPRSLLVGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEP ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
AE144-FVIII BDD2-MMP-17-	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPP RVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMA

[0961]

[0962]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
AE864	SDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSW HSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPE VHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMIDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVK VDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWV HYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAI QHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPIL PGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRG NQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFD SLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSM ENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRS FSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKT RHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKT YFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLP GLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEM LPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGC DLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPK EWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQ GNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGAPLGLRLRGG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AE144-FVIII BDD2-FXIIa-AE864	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPP RVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMA SDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSW HSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPE VHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMIDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVK VDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWV HYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAI QHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPIL PGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRG NQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFD SLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSM ENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRS FSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKT

[0963]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	RHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKT YFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLP GLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEM LPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGC DLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPK EWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQ GNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGTMTRIVGGGG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AG144-FVIII BDD2-FXIa-AG576	SGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSP SASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS PSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPP RVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMA SDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSW HSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPE VHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVK VDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWV HYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAI QHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPIL PGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRG NQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFD SLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSM ENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRS FSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKT RHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKT YFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLP GLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEM LPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGC DLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPK EWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQ GNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGKLTRAETGPG

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSP GSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGAT GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGA TGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPS GATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTP SGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGS
AE144-FXIa-FVIII BDD2-AE864	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGKLTRAETGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGE LPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYD TVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQ VLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILL FAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYW HVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQ HDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSV AKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYT DETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKG VKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLIC YKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIM HSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFS GETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLS KNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQ SPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFT QPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRK NFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTN TLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFH AINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNL YPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQI TASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLY ISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSN AWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLF FQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY GGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATS GSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSP TSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP

[0964]

[0965]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
AE144-FVIII BDD2-Y2332-트롬빈-AE864	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPP RVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNM ASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMA SDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSW HSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPE VHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVK VDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWV HYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAI QHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPIL PGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRG NQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFD SLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSM ENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRS FSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKT RHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNE HLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKT YFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLP GLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEM LPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWA PKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDG KKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGC DLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPK EWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQ GNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLYGLTPRSLLVGG SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAP GTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AE864-FVIII-MMP-17-AE144	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA

[0966]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGE LPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYD TVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQ VLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILL FAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYW HVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQ HDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSV AKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYT DETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKG VKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLIC YKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIM HSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFS GETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLS KNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLL MLLRQSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFT PESGLQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSM PVHYDSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTE SGRLFKGKRAHGPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSV WQNILESDTEFKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPI PPDAQNPDMSFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNF LSEKNKVVVGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKK ETLIQENVVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNR TKKHTAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQF RLPLEETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSH SIPQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAK KNNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPK VHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAK TPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINE GQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKK EDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKV VFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEE DQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSG LIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMED PTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKK EEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLG MASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKT QGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIAR YIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSK ARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISS SQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRME VLGCEAQDLYGAPLGLRLRGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGT STEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
AF144-FXIIa-FVIII-FXIIa-AF864	GTSTPESGSASPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTAP GSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAP GTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTMTRIVGGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPV DARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVV ITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLK ENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVF DEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIG

[0967]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	MGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDG MEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKK HPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDET FKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKH LKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKES VDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSIN GYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGET VFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNN AIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLLMLLR QSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFTPESG LQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSMPVHY DSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTESGRL FKGKRAHGPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSVWQNI LESDTEFKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPIPPDA QNPDMSFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNFLSEK NKVVVGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKKETLIQ ENVVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNRTKKH TAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQFRLPLE ETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSHSIPQA NRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAKKNNLS LAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPKVHIYQK DLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAKTPSKLL DPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINEGQNKPE IEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYD EDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFT DGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQG AEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLL VCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKE NYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKM ALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHI RDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQK FSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPT HYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQ GRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQ WTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEA QDLYGTMTRIVGGGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGT APGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESST APGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESST APGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGTSTPESGSASPGSTSESPSGT APGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGTSTPESGSASPGSTSSTAESP GPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGT APGSTSESPSGTAPGTSTPESGPXXXGASASGAPSTXXXXSESPSGTAPGSTSESPSGTA PGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSAS PGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSAS PGSTSESPSGTAPGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSAS PGTSTPESGSASPGSTSESPSGTAPGTSTPESGSASPGSTSSTAESPGPGSTSESPSGTA PGSTSESPSGTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGTSPSGESSTAPGTSTPESGSAS PGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGTSPSGESSTAPGSTSSTAESPGPGSTSSTAESPG PGTSPSGESSTAPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSP
AE864- FVIII- FXIa-	GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTE EGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS

[0968]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
AE144	APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSE TPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSP TSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPAT SGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGS PTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPA GSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP AGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS EPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPG SEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGE LPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYD TVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQ VLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILL FAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYW HVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQ HDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSV AKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYT DETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKG VKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLIC YKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIM HSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFS GETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLS KNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMPKIQNVSSSDLL MLLRQSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQLHHSGDMVFT PESGLQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDNTSSLGPPSM PVHYDSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSWGKNVSSTE SGRLFKGKRAHGPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSLLIENSPSV WQNILESDTEFKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQKKEGPI PPDAQNPDMSFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEGQNF LSEKNKVVVGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEKK ETLIQENVVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNR TKKHTAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQF RLPLEETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSH SIPQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAK KNNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPK VHIYQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAK TPSKLLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINE GQNKPEIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKK EDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKV VFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEE DQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSG LIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMED PTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKK EEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLG MASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKT QGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIAR YIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSK ARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISS SQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRME VLGCEAQDLYGKLTRAETGGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPA GSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTS

[0969]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	TEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAP
AE144-FXIa-FVIII BDD9-AE864	GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGKLTRAETGATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGE LPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYD TVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQ VLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILL FAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYW HVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQ HDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSV AKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYT DETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKG VKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLIC YKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIM HSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFS GETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLS KNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQ SPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFT QPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRK NFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTN TLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFH AINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNL YPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQI TASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLY ISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIR STLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSN AWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLF FQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY GGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTS TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATS GSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSP TSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGS PTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPA TSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPA GSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP ATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSP AGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG SEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
AE48-FXIa-FVIII BDD9-AE864	MAEPAGSPTSTEEGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGKLTRAETGA TRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLF NIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQ TSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGA LLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL

[0970]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGS PAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPG SEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAP GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA PGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE SGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSE GSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATS GSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESA TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSES ATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS ESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGT STEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
FVIII BDD9-FXIa-AG288_2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYKLTRAETGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTP SGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTP GSGTASSSPGSSTPSGATGS
FVIII BDD9-FXIa-AG864	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAS TGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPS ASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGAS PGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS STPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGT GPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTS STGSP
FVIII BDD9(1-745) AG288_2-(1640-Y2332)-	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL

[0971]

[0972]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
FXIa-AG864	TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSAS TGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVE MKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQF KKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLI SYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDV HSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQ MEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTV RKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQT PLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHG IKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPI IARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWS PSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEF LISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIAL RMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS PGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGT GPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSS TGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGT SSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP
FVIII BDD9(1-743) AG288_2-(1638-Y2332)-FXIa-AG864	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSST

[0973]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSAST GTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISV EMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQ FKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSL ISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKD VHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNI QMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFT VRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQ TPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIH GIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNP PIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFAT WSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVK EFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQI ALRMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGP GTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS PGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASS SPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGT GPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSS TGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGT SSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP
BDD10(1-745)AG288_2-(1640-Y2332)-FXIa-AG864	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNGPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTA SSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTS STGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSAS TGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPPVLKRHQAEITRTTLQSDQEEIDYDDTISVE MKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQF KKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLI SYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDV HSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQ MEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTV RKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQT

[0974]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	PLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHG IKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPI IARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWS PSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEF LISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIAL RMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPG TPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP GSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS PGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGT GPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSST GSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSS TGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTS STGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSG ATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGT SSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPG TSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPG SGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASP GTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGAS PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSS PSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP
FVIII BDD10-FXIa-AG288_2	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQAEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYKLTRAETGAGSPGAETAPGASPGTSSTGSPGASPGTSS TGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGT ASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTS STGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGT SSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSA STGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSGAETAEQKLISEEDLSPATG
FVIII BDD10-FXIa-	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG

[0975]

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
AG864	ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQAEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSAS TGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSG TASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGS GTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPS ASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASP GTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGAS PGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGA SPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS STPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPG ASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSP GASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGT GPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTG TGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSS TGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTS STGSP
FVIII BDD10-FXIa-AE864	ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHL FNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDD QTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIG ALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMH TVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPIT FLTAQTLLMDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKS QYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQA SRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCL TRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTE NIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKV SSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQAEITRTTLQSDQEEID YDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRA QSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASR PYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFS

CFXTEN 명칭	아미노산 서열
	DVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMER NCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIH FSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFL VYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVD LLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGI KHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFT NMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLT SMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQS WVHQIALRMEVLGCEAQDLYKLTRAETGGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPS EGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATS GSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP SEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTE PSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSES ATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSE SATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSE PATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGT SESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPG TSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP GTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSET PGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPES GPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTS TEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSE GSAP

서열 명칭은 FVIII 변이체 및 XTEN 성분의 N 말단에서 C 말단 구성을 반영한다: 신호 펩타이드(SP); 링커 (L); 개열 서열(CS)은 서열에서 활성인 프로테아제 명칭, 및 패밀리 명칭 및 길이에 의한 XTEN 성분에 의해 표시될 수 있고, 성분에 대한 삽입점은 FVIII 아미노산 및 삽입된 서열에 인접한 번호 위치 또는 N 말단인 A1 및 FVIII 의 C 말단인 Y2332 로 표시된다.

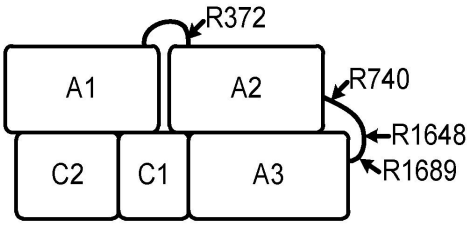
[0976]

도면

도면1

도 1A

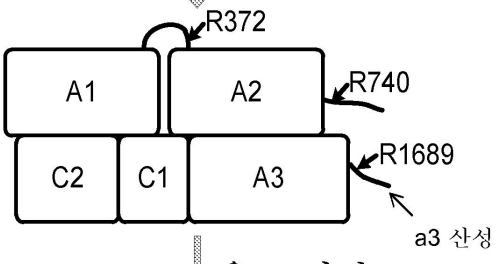
scFVIII



세포내 처리

도 1B

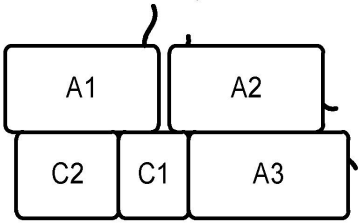
FVIII



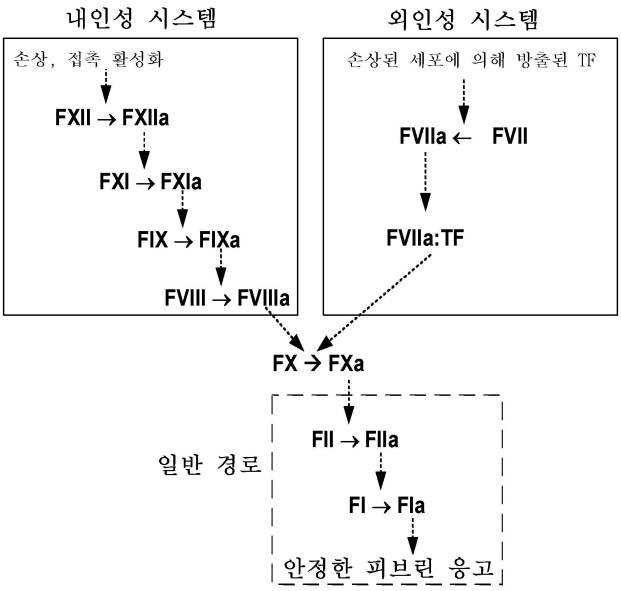
응고 사건

도 1C

FVIIIa



도면2



도면3

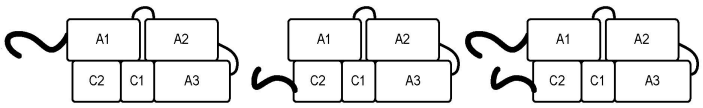
ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFN
IAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQ
REKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCR
EGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNR
SLPGLIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLL
MDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRF
DDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGPQRIG
RKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGI
TDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNME
RDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAG
VQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKH
KMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYE
DSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNSRHPSTRQKQFNATTIPENDIEKTDPWFAHRTPMP
KIQNVSSSDLLMLLRQSPTPHGLSLSDLQEAKYETFSDDPSPGAIDSNNSLSEMTHFRPQ
LHHSGDMVFTPESGLQLRLNEKLGTTAATELKKLDFKVSSTSNNLISTIPSDNLAAGTDN
TSSLGPPSMPVHYDSQLDTTLFGKKSSPLTESGGPLSLSEENNDSKLLESGLMNSQESSW
GKNVSSTESGRLFKGKRAHGPALLTKDNALFKVSISLLKTNKTSNNSATNRKTHIDGPSL
LIENSPSVWQNILESDTEFKKVTPLIHDRMLMDKNATALRLNHMSNKTTSSKNMEMVQQK
KEGPIPPDAQNPDMSFFKMLFLPESARWIQRTHGKNSLNSGQGPSPKQLVSLGPEKSVEG
QNFLSEKNKVVVGKGEFTKDVGLKEMVFPSSRNLFLTNLDNLHENNTHNQEKKIQEEIEK
KETLIQENVVLPQIHTVTGTKNFMKNLFLLSTRQNVEGSYDGAYAPVLQDFRSLNDSTNR
TKKHTAHFSKKGEEENLEGLGNQTKQIVEKYACTTRISPNTSQQNFVTQRSKRALKQFRL
PLEETELEKRIIVDDTSTQWSKNMKHLTPSTLTQIDYNEKEKGAITQSPLSDCLTRSHSI
PQANRSPLPIAKVSSFPSIRPIYLTRVLFQDNSSHLPAASYRKKDSGVQESSHFLQGAKK
NNLSLAILTLEMTGDQREVGSLGTSATNSVTYKKVENTVLPKPDLPKTSGKVELLPKVHI
YQKDLFPTETSNGSPGHLDLVEGSLLQGTEGAIKWNEANRPGKVPFLRVATESSAKTPSK
LLDPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINEGQNKP
EIEVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIY
DEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTD
GSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGA
EPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHT
NTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHA
INGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYP
GVFETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITAS
GQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQ
FIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRS
TLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWR
PQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKV
KVFQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY

도면4

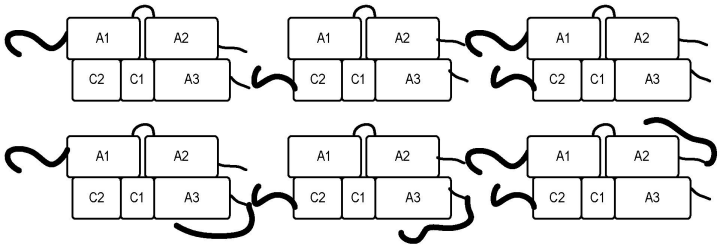
ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFV
EFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVS
YWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTY
SYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFAVFDEGKSW
HSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHRKSVYWHVIGM
GTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLLMDLGQFLLFCHI
SSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFDDDN
SPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVLAPDDRSYKSQYLNNGP
QRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILGPLLYGEVGDTLLIIFKNQ
ASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKDFPILPGEIFKYKWTVTVEDG
PTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIMSDKRN
VILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDS
LQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGE
TVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISA
YLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKK
EDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGS
VPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQ
ASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEF
DCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTI
FDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVM
AQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETV
EMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQIT
ASGQYGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGAR
QKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNP
PIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASS
YFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQ
GVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVVNSLD
PPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY

도면5

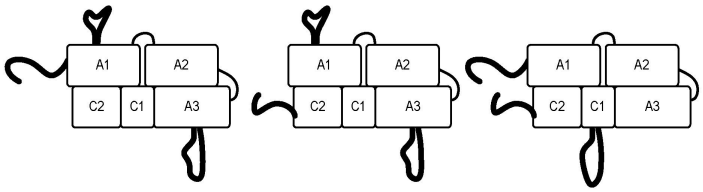
도 5A



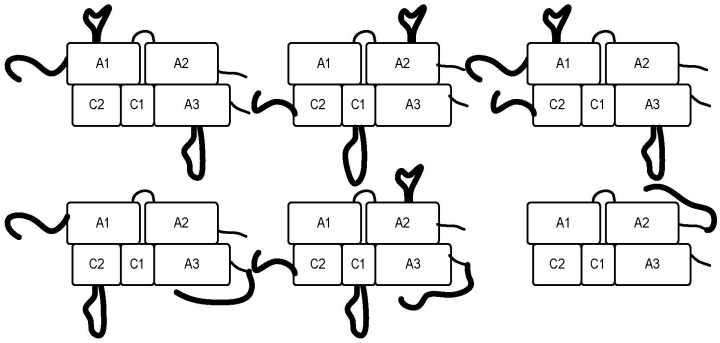
도 5B



도 5C

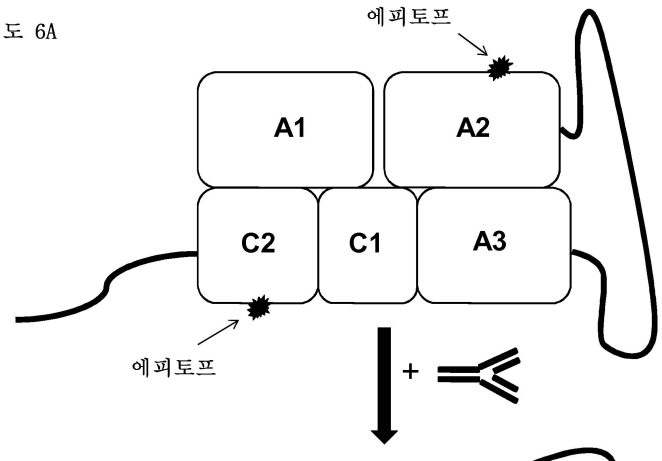


도 5D

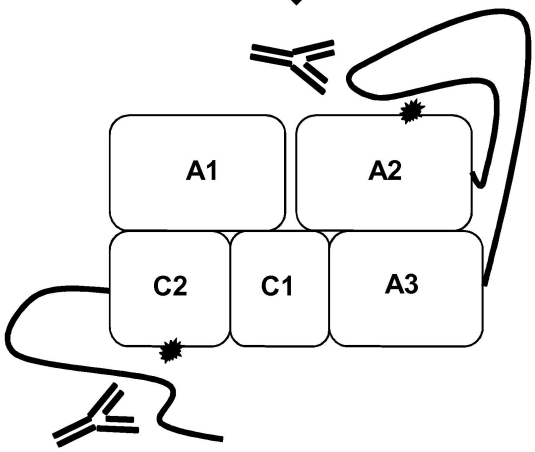


도면6

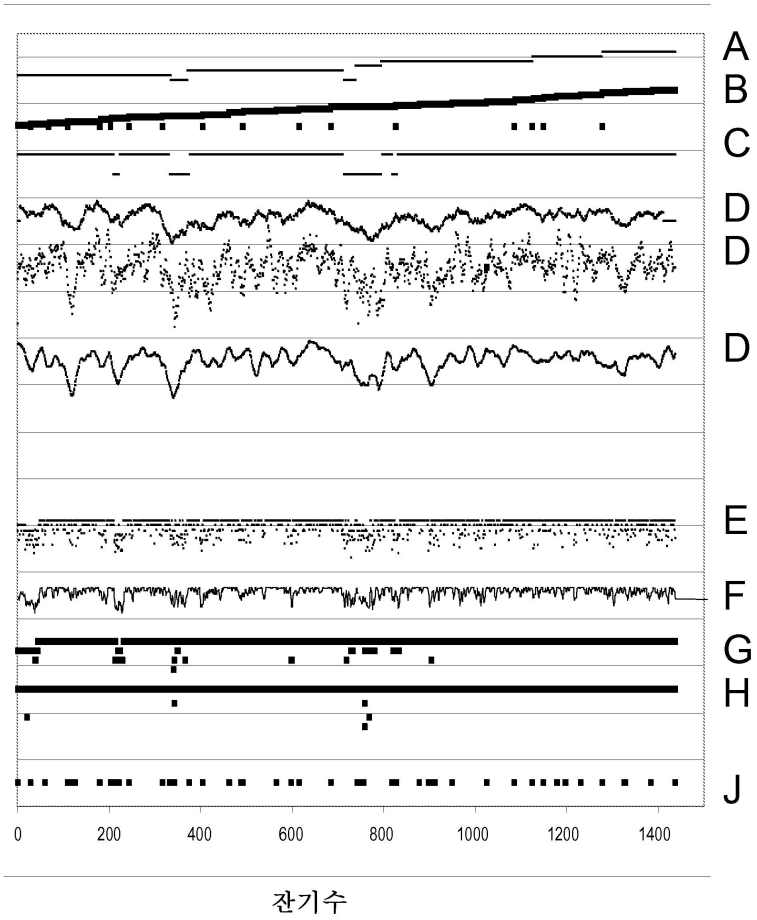
도 6A



도 6B



도면7



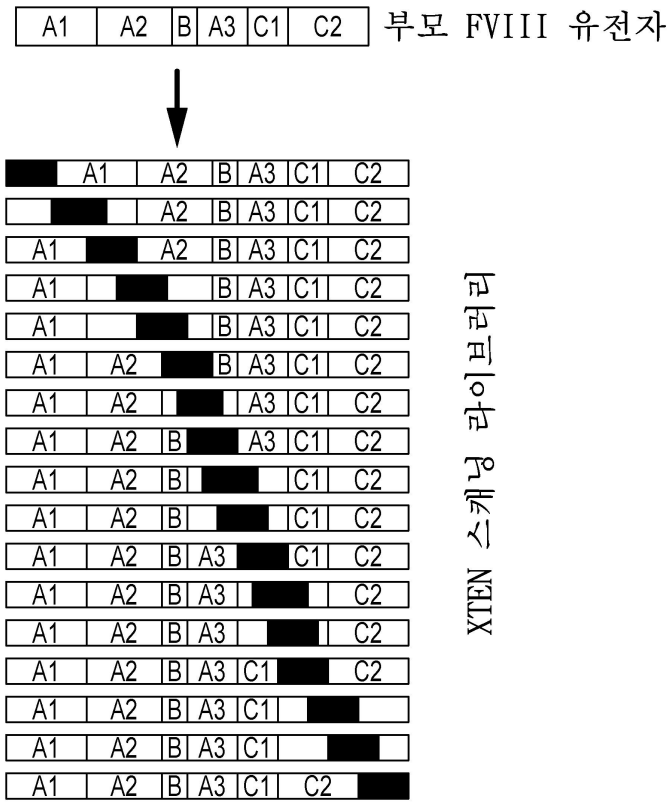
도면8

ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTL
FVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHA
VGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASD
PLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFA
VFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHR
KSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLL
MDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL
TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVL
APDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILG
PLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKD
FPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGP
LLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAG
VQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS
VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNR
GMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLK
RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKK
TRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFT
QPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEE
DQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLE
KDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTEN
MERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYL
LSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAG
IWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYG
QWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFS
SLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPI
IARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASS
YFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVT
TQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVV
NSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY

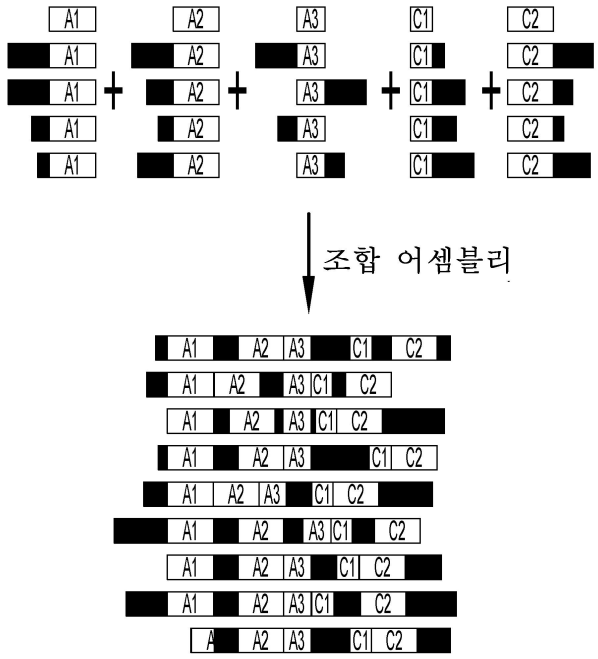
도면9

ATRRYYLGAVELSWDYMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTL
FVEFTVHLFNIAKPRPPWMGLLGPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHA
VGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGGSHTYVWQVLKENGPMASD
PLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAKEKTQTLHKFILLFA
VFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWPKMHTVNGYVNRSLPGLIGCHR
KSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRNHRQASLEISPITFLTAQTLL
MDLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDL
TDSEMDVVRFDDDNSPSFIQIRSVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWDYAPLVL
APDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAIQHESGILG
PLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLYSRRLPKGVKHLKD
FPILPGEIFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGP
LLICYKESVDQRGNQIMSDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAG
VQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQLSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLS
VFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSGETVFMSMENPGLWILGCHNSDFRNR
GMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPRSFSQNPPVLK
RHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKK
TRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFT
QPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEE
DQRQGAEPRKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLE
KDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTEN
MERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYL
LSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPSKAG
IWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYG
QWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFS
SLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPI
IARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASS
YFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVT
TQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKVFQGNQDSFTPVV
NSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY

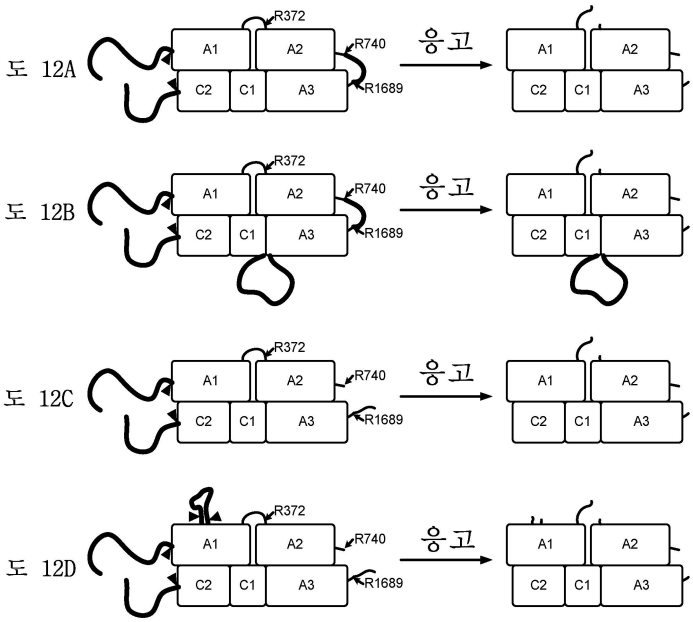
도면10



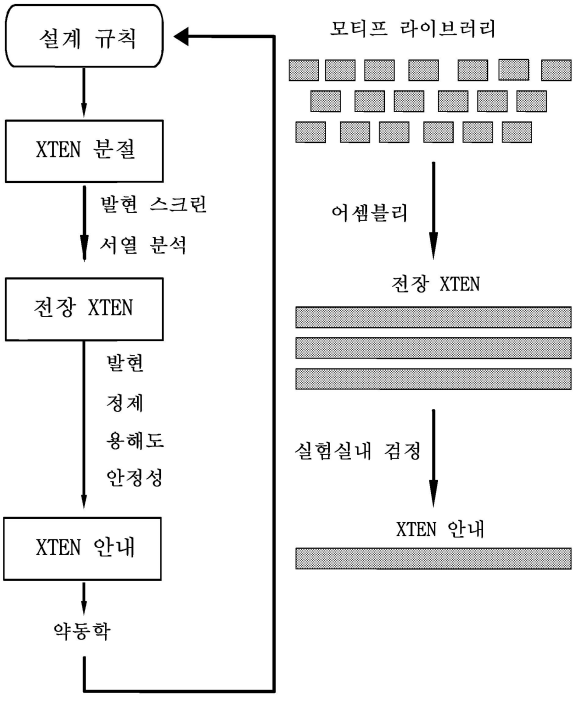
도면11



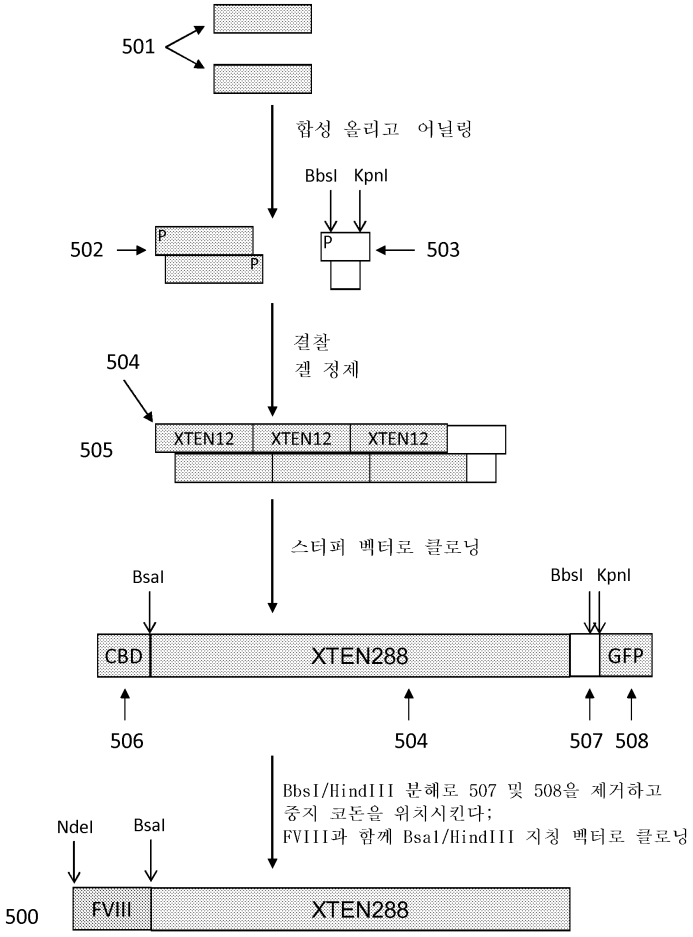
도면12


도 12A
도 12B
도 12C
도 12D
R372
R740
R1689
A1
A2
C2
C1
A3
응고

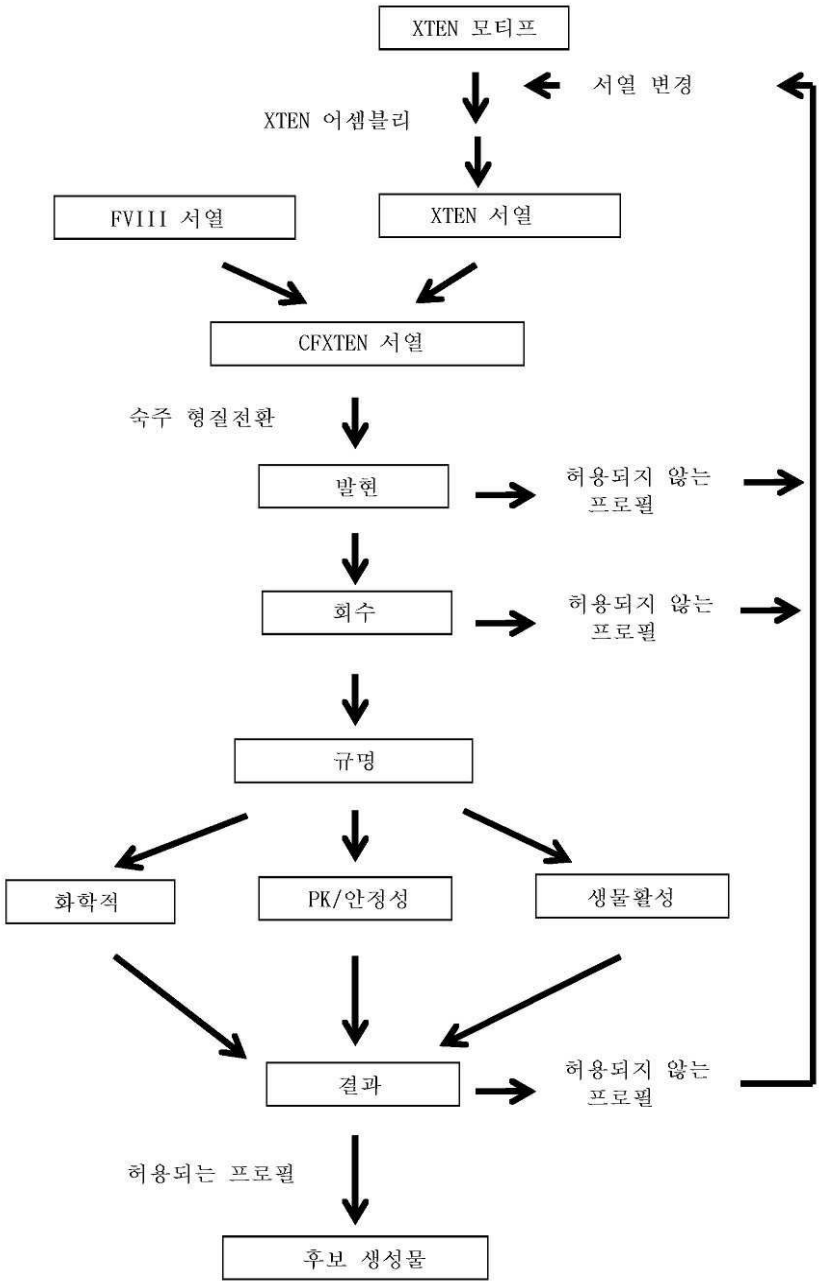
도면13


설계 규칙
XTEN 분절
발현 스크린
서열 분석
전장 XTEN
발현
정제
용해도
안정성
XTEN 안내
약동학
모티프 라이브러리
어셈블리
전장 XTEN
실험실내 검정
XTEN 안내

도면14


501
합성 올리고 어닐링
BbsI KpnI
502
503
P
P
P
결찰
겔 정제
504
505
XTEN12
XTEN12
XTEN12
스터퍼 벡터로 클로닝
BsaI
BbsI KpnI
CBD
XTEN288
GFP
506
504
507 508
BbsI/HindIII 분해로 507 및 508을 제거하고
중지 코돈을 위치시킨다;
FVIII과 함께 BsaI/HindIII 지칭 벡터로 클로닝
NdeI
BsaI
500
FVIII
XTEN288

도면15


XTEN 모티프
서열 변경
XTEN 어셈블리
FVIII 서열
XTEN 서열
CFXTEN 서열
숙주 형질전환
발현
허용되지 않는 프로필
회수
허용되지 않는 프로필
규명
화학적
PK/안정성
생물활성
결과
허용되지 않는 프로필
허용되는 프로필
후보 생성물

도면16a

AG864_2

GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS
PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASS
SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSST
GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGA
TGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGT
ASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSG
TASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP
SGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSST
PSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGAS
PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS
STPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG
SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP
GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS
PGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS
SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP

AG576

PGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGATG
SPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTAS
SSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTA
SSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTPSG
ATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSTPS
GATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGASPG
TSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSST
PSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSS
TPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS
STPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGS

도면16b

AG864_2

GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS
PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASS
SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGASPGTSST
GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGA
TGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGT
ASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSG
TASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP
SGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSST
PSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGAS
PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS
STPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG
SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP
GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS
PGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS
SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP

AG288_1

PGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTA
SSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSSPS
ASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGS
SPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGS
PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGA
TGS

도면16c

AG864_2

GASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGS
PGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASS
SPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTSSTGSPA
GSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGSSTPSGA
TGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGT
ASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSG
TASSSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGSSTPSGATGSPGSSTP
SGATGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGSST
PSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGAS
PGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGS
STPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPG
SSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSP
GSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGASPGTSSTGS
PGSSTPSGATGSPGSSPSASTGTGPGASPGTSSTGSPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASS
SPGSSTPSGATGSPGSSTPSGATGSPGASPGTSSTGSP

AG144_2

PGSSPSASTGTGPGSSPSASTGTGPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGSSPSAST
GTGPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSSPGSSTPSGATGSPGTPGSGTASSSPGASPG
TSSTGSPGASPGTSSTGSPGTPGSGTASSS

도면16d

AE864

GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA
PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST
EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG
SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSG
SETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSP
TSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP
SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG
SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP
ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP
AGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS
EPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE
GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESG
PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS
APGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP

AE576

GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG
SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGS
PTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTS
TEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGP
GSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPE
SGPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEP
SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTS
TEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETP
GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPE
SGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEP
SEGSAP

도면16e

AE864

GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA
PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTST
EEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEG
SAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSG
SETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGSPAGSP
TSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEP
SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAG
SPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEP
ATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSP
AGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGS
EPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG
SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEE
GSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGTSESATPESG
PGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS
APGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP

AE288_2

GTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPE
SGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESA
TPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTS
ESATPESGPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEE
GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEG
SAP

도면16f

AE864

GSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGS
APGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPT
STEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEP
SEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEP
ATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPGS
PAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP
GTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGS
APGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATP
ESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGS
PTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGTSE
SATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGT
STEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGP
GSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGTSESATPES
GPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSE
GSAPGTSTEPSEGSAPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAP

AE144_1A

SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSA
PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGSEPATSGSETPGSPAGSPTS
TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG

AE144_2B

TSTEPSEGSAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSESATPESG
PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEG
SAPGTSESATPESGPGTSESATPESGPG

AE144_3A

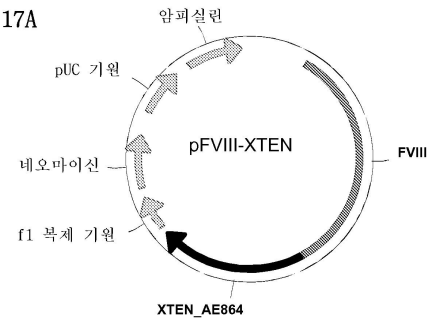
SPAGSPTSTEEGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGTSTEPSEGSA
PGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEGSAPGTSTEPSEG
SAPGSPAGSPTSTEEGTSTEPSEGSAPG

AE144_4B

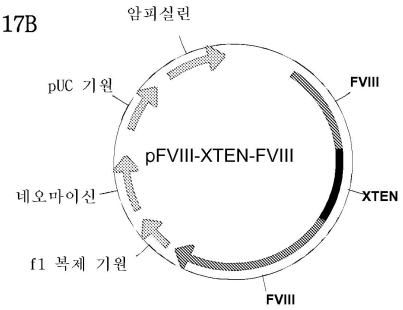
TSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESGPGSEPATSGSETPGTSESATPESG
PGTSTEPSEGSAPGTSESATPESGPGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTSTEEGSPAGSPTS
TEEGTSESATPESGPGTSTEPSEGSAPG

도면17

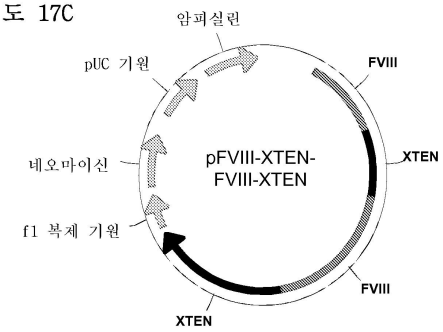
도 17A



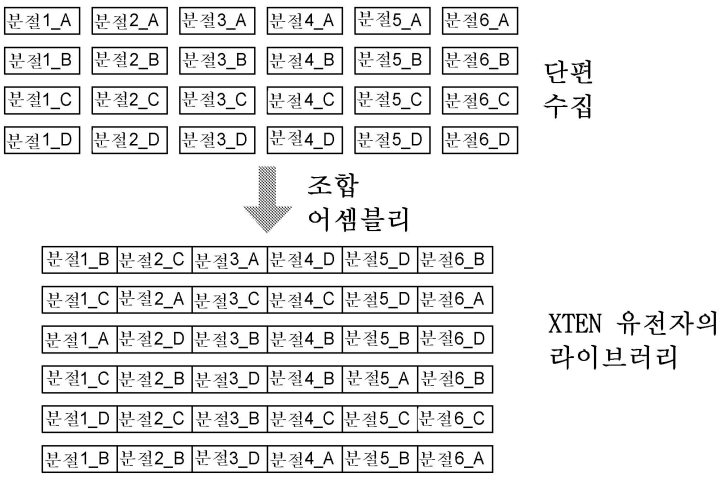
도 17B



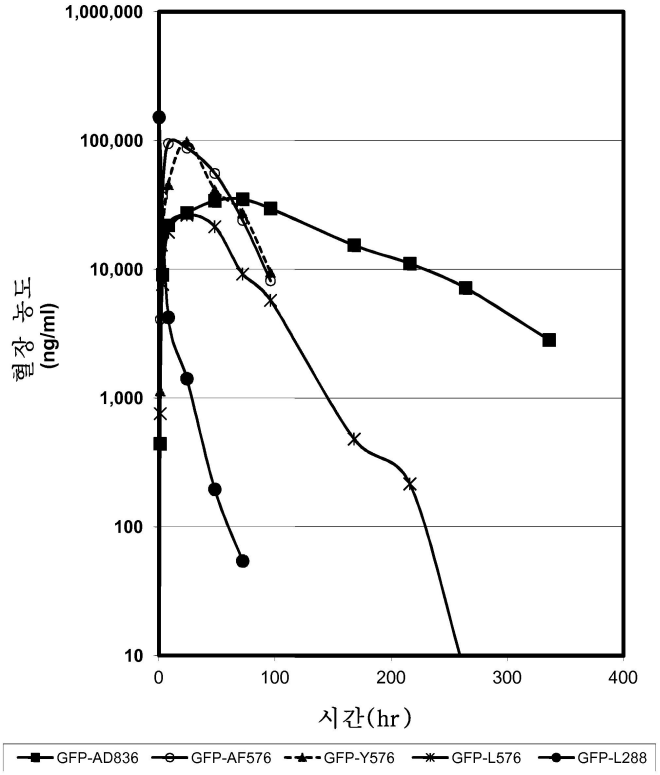
도 17C



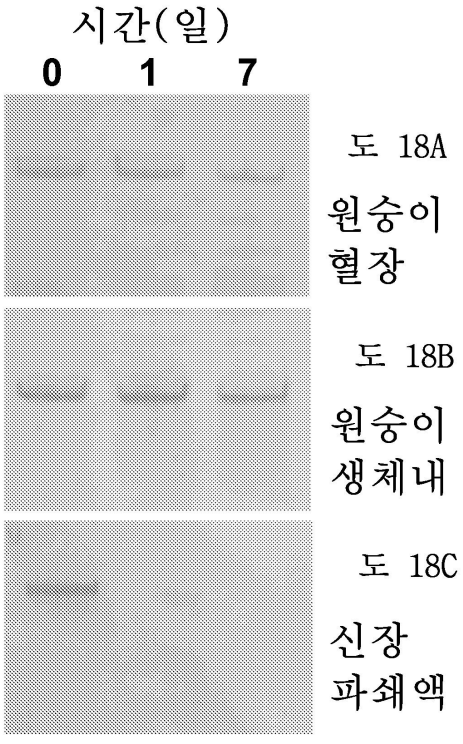
도면18



도면19



도면20



도 18A

원숭이 혈장

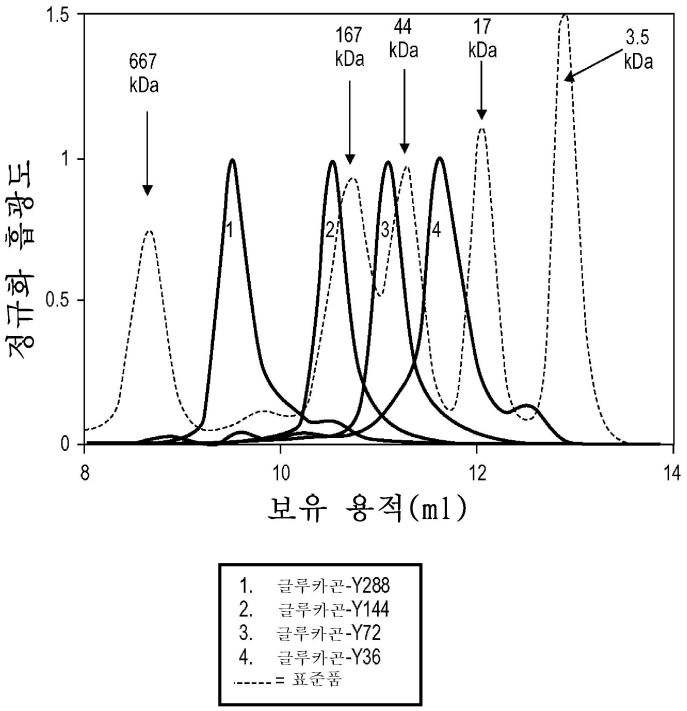
도 18B

원숭이 생체내

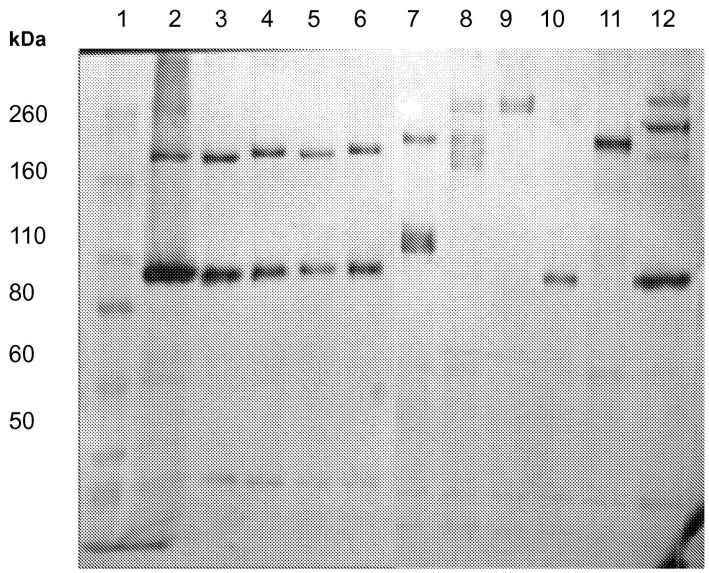
도 18C

신장 파쇄액

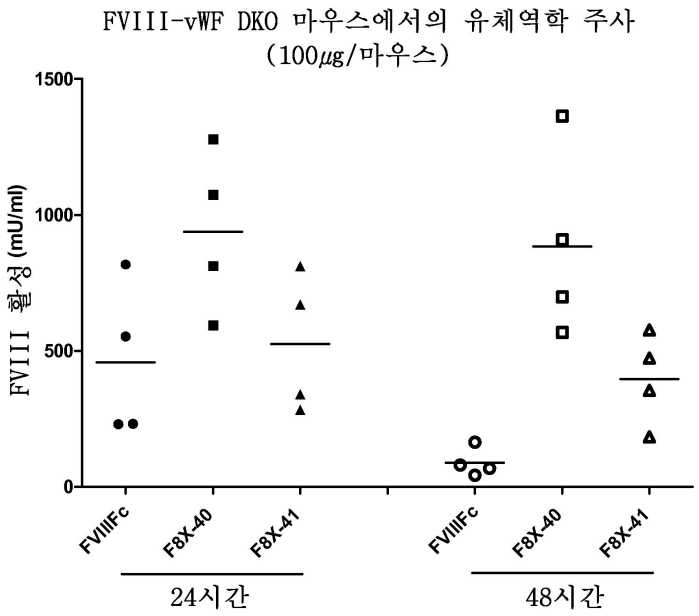
도면21


1.5
1
0.5
0
8
10
12
14
정규화 흡광도
보유 용적(ml)
667 kDa
167 kDa
44 kDa
17 kDa
3.5 kDa
1
2
3
4
1. 글루카곤-Y288
2. 글루카곤-Y144
3. 글루카곤-Y72
4. 글루카곤-Y36
------ = 표준품

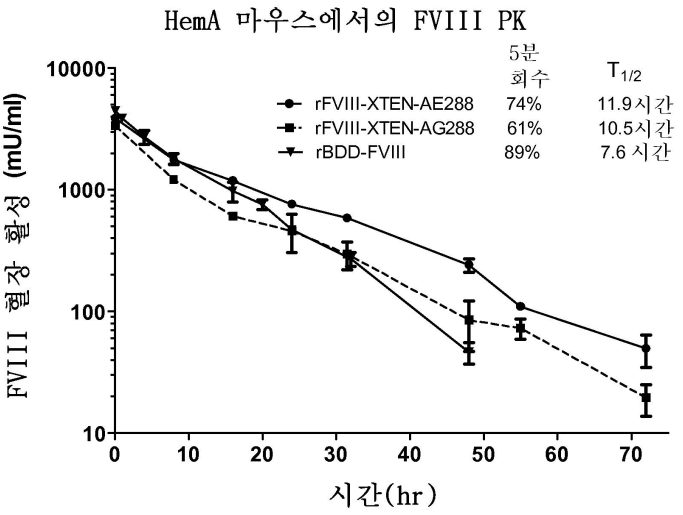
도면22


kDa
1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12
260
160
110
80
60
50

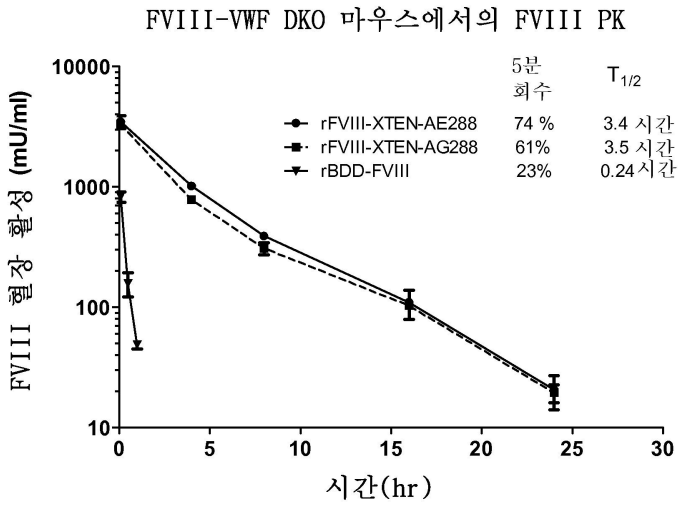
도면23


FVIII-vWF DKO 마우스에서의 유체역학 주사
(100㎍/마우스)
FVIII 활성 (mU/ml)
1500
1000
500
0
FVIIIFc
F8X-40
F8X-41
FVIIIFc
F8X-40
F8X-41
24시간
48시간

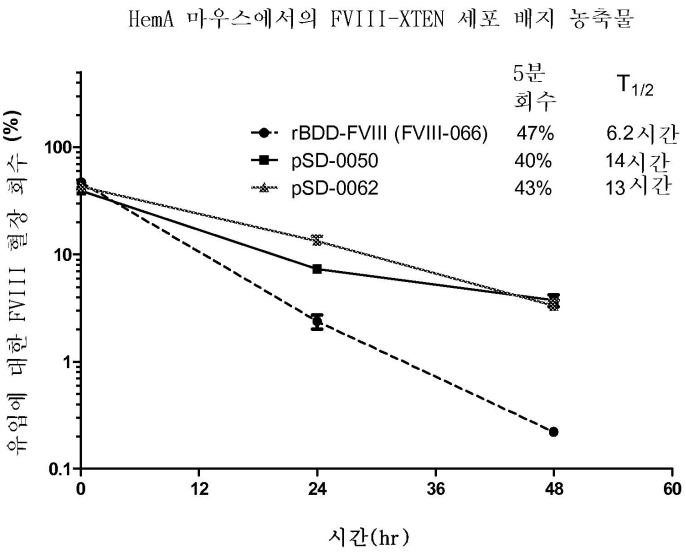
도면24a


HemA 마우스에서의 FVIII PK
5분 회수
T1/2
rFVIII-XTEN-AE288 74% 11.9시간
rFVIII-XTEN-AG288 61% 10.5시간
rBDD-FVIII 89% 7.6 시간
FVIII 혈장 활성 (mU/ml)
10000
1000
100
10
0
10
20
30
40
50
60
70
시간(hr)

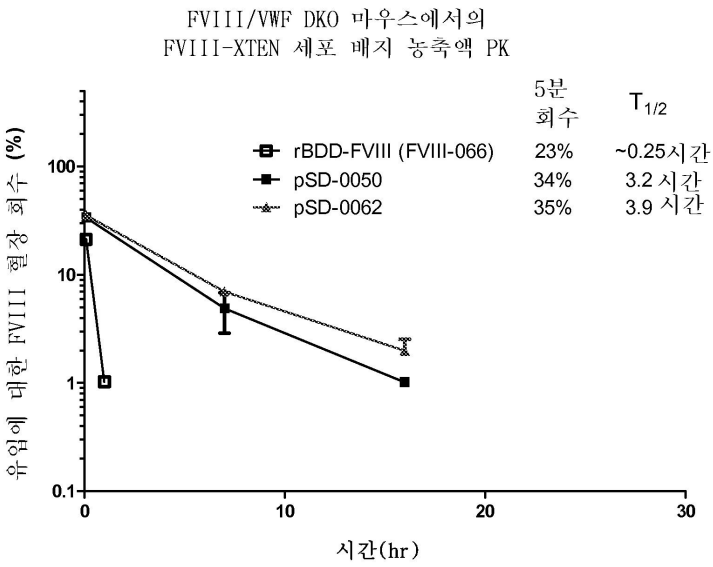
도면24b


FVIII-VWF DKO 마우스에서의 FVIII PK
5분 회수
T1/2
rFVIII-XTEN-AE288 74 % 3.4 시간
rFVIII-XTEN-AG288 61% 3.5 시간
rBDD-FVIII 23% 0.24 시간
FVIII 혈장 활성 (mU/ml)
10000
1000
100
10
0
5
10
15
20
25
30
시간(hr)

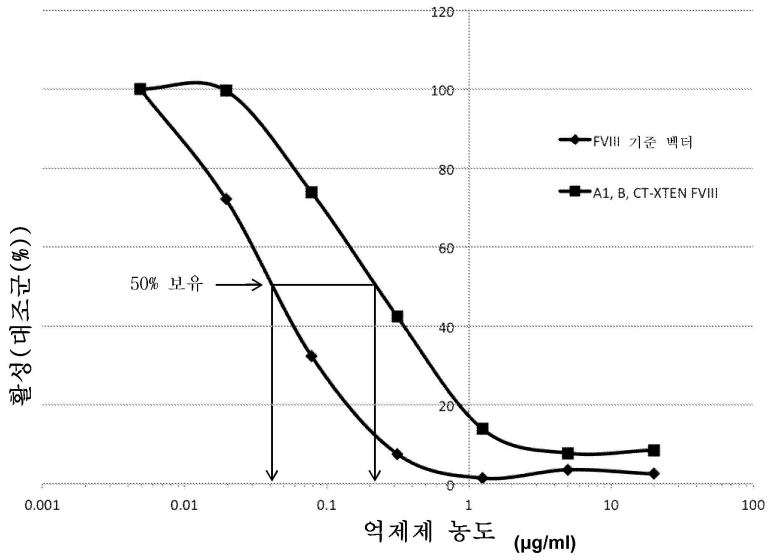
도면25a


HemA 마우스에서의 FVIII-XTEN 세포 배지 농축물
5분 회수
T1/2
rBDD-FVIII (FVIII-066) 47% 6.2 시간
pSD-0050 40% 14 시간
pSD-0062 43% 13 시간
유입에 대한 FVIII 혈장 회수 (%)
100
10
1
0.1
0
12
24
36
48
60
시간(hr)

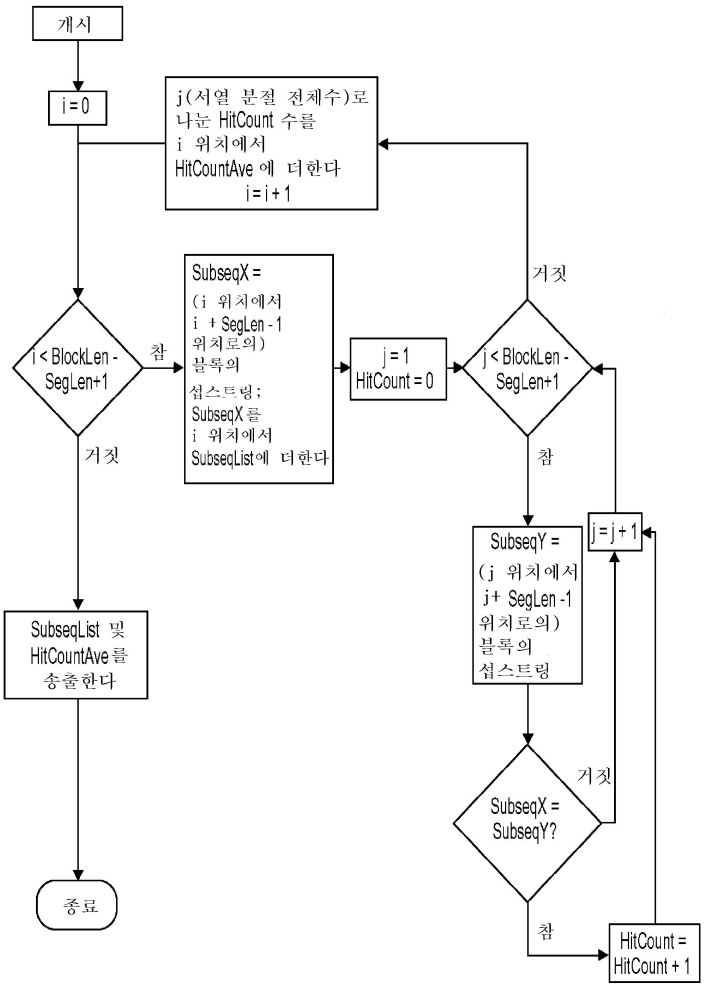
도면25b


FVIII/VWF DKO 마우스에서의
FVIII-XTEN 세포 배지 농축액 PK
5분 회수
T1/2
rBDD-FVIII (FVIII-066) 23% ~0.25시간
pSD-0050 34% 3.2 시간
pSD-0062 35% 3.9 시간
유입에 대한 FVIII 혈장 회수 (%)
100
10
1
0.1
0
10
20
30
시간(hr)

도면26


120
100
80
60
40
20
0
FVIII 기준 벡터
A1, B, CT-XTEN FVIII
50% 보유
활성(대조군(%))
0.001
0.01
0.1
1
10
100
억제제 농도 (μg/ml)

도면27


개시
i = 0
j(서열 분절 전체수)로
나눈 HitCount 수를
i 위치에서
HitCountAve 에 더한다
i = i + 1
i < BlockLen - SegLen+1
참
거짓
SubseqX =
(i 위치에서
i + SegLen -1
위치로의)
블록의
섭스트링;
SubseqX를
i 위치에서
SubseqList에 더한다
j = 1
HitCount = 0
j < BlockLen - SegLen+1
거짓
참
SubseqY =
(j 위치에서
j+ SegLen -1
위치로의)
블록의
섭스트링
j = j + 1
SubseqX = SubseqY?
거짓
참
HitCount = HitCount + 1
SubseqList 및
HitCountAve를
송출한다
종료

도면28

XTEN 서열	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
	A	S	T	G	E	T	G	E	T	G	E

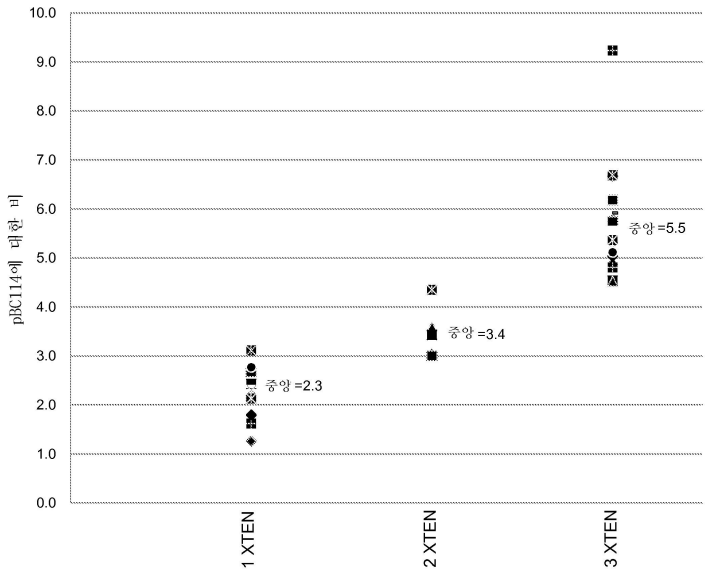
XTEN 길이 : N=11

하위서열 길이: **S=3**

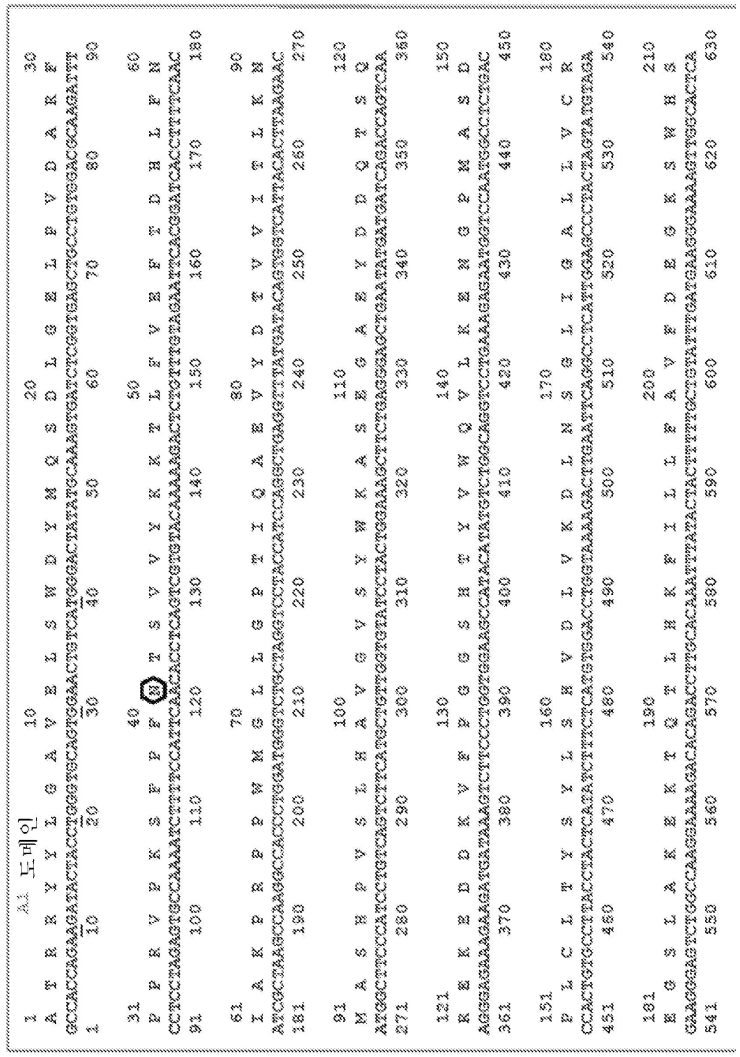
		분절 1 AST	분절 2 STG	분절 3 TGE	분절 4 GET	분절 5 ETG	분절 6 TGE	분절 7 GET	분절 8 ETG	분절 9 TGE
분절 1	AST	x								
분절 2	STG		x							
분절 3	TGE			x			x			
분절 4	GET				x			x		
분절 5	ETG					x			x	
분절 6	TGE			x			x			x
분절 7	GET				x			x		
분절 8	ETG					x			x	
분절 9	TGE						x			x
		1	1	2	2	2	3	2	2	2

서열 스코어 = 1.89

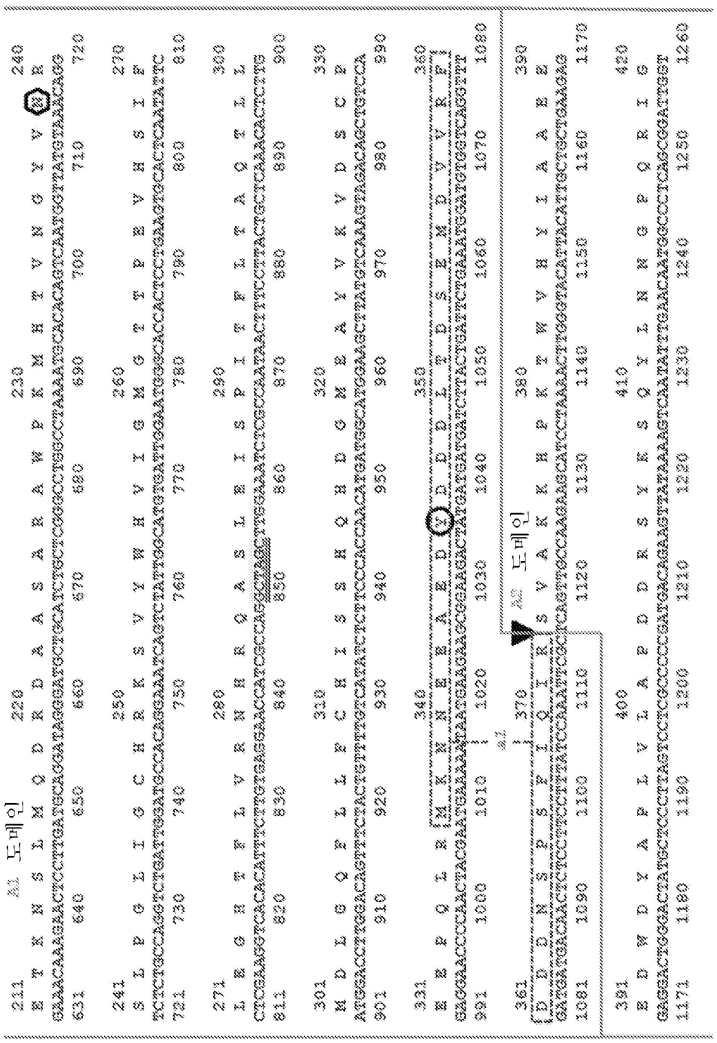
도면29



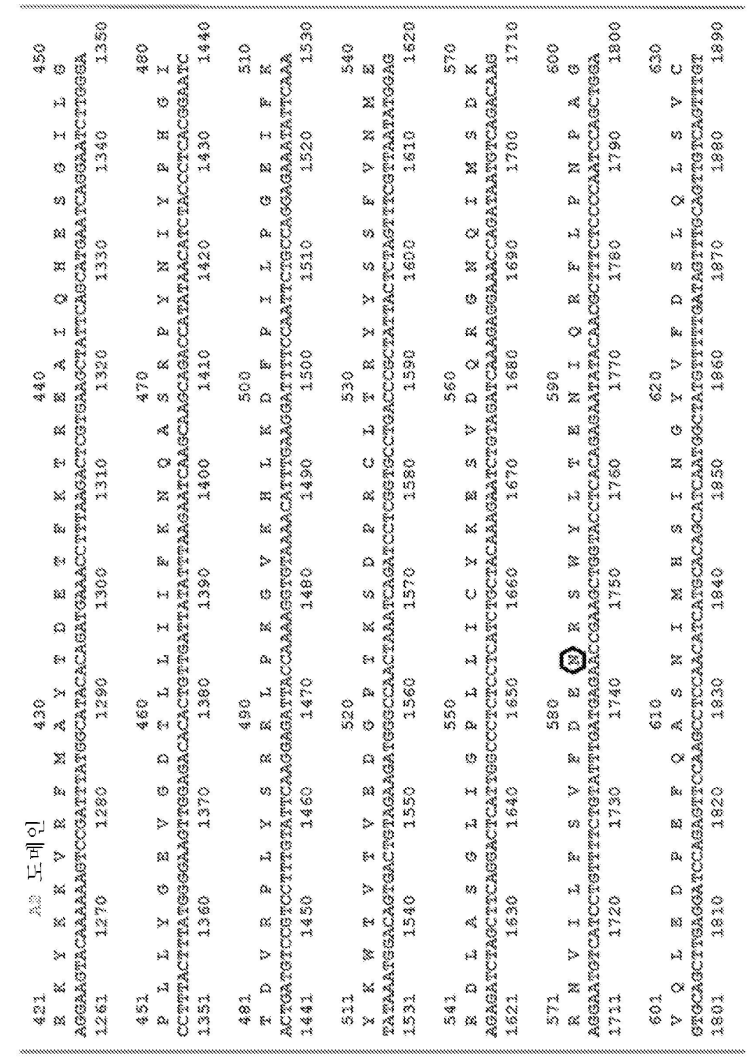
도면30a



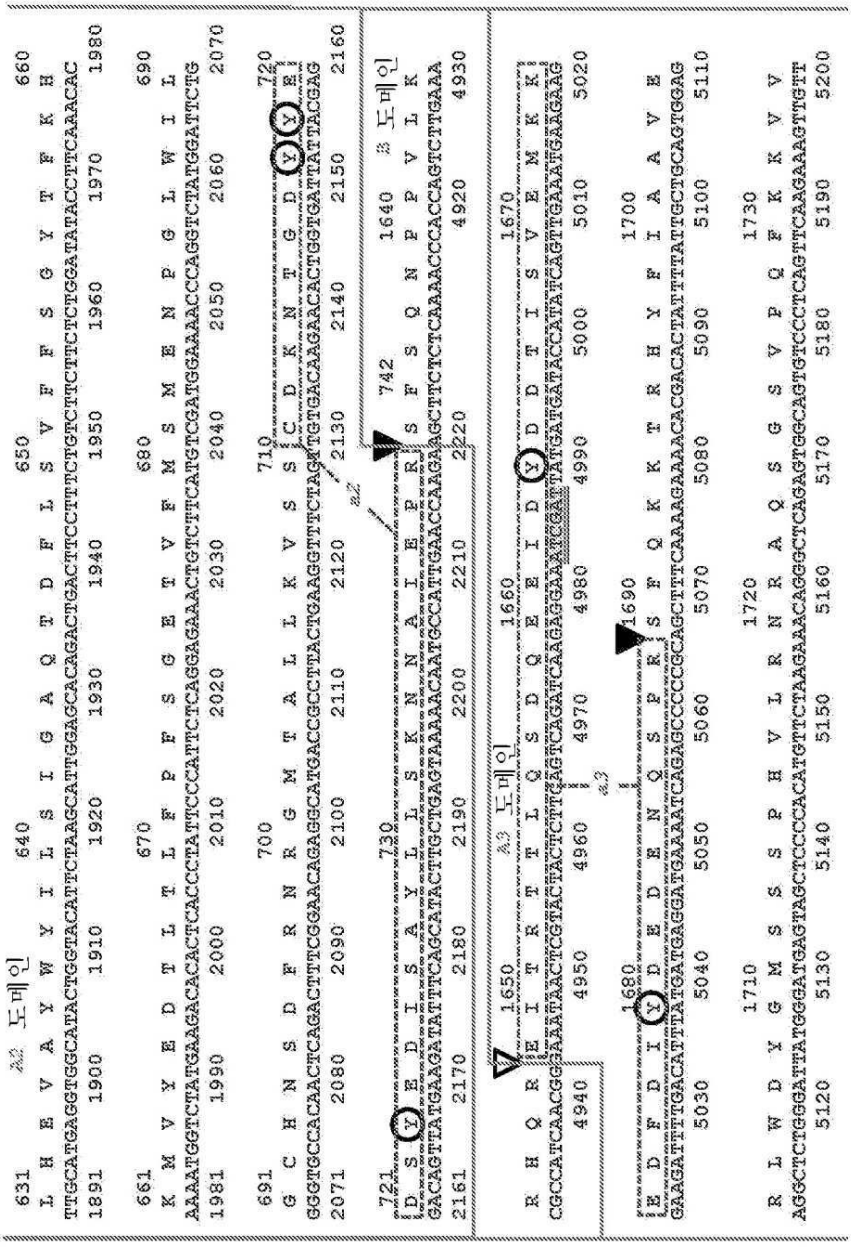
도면30b



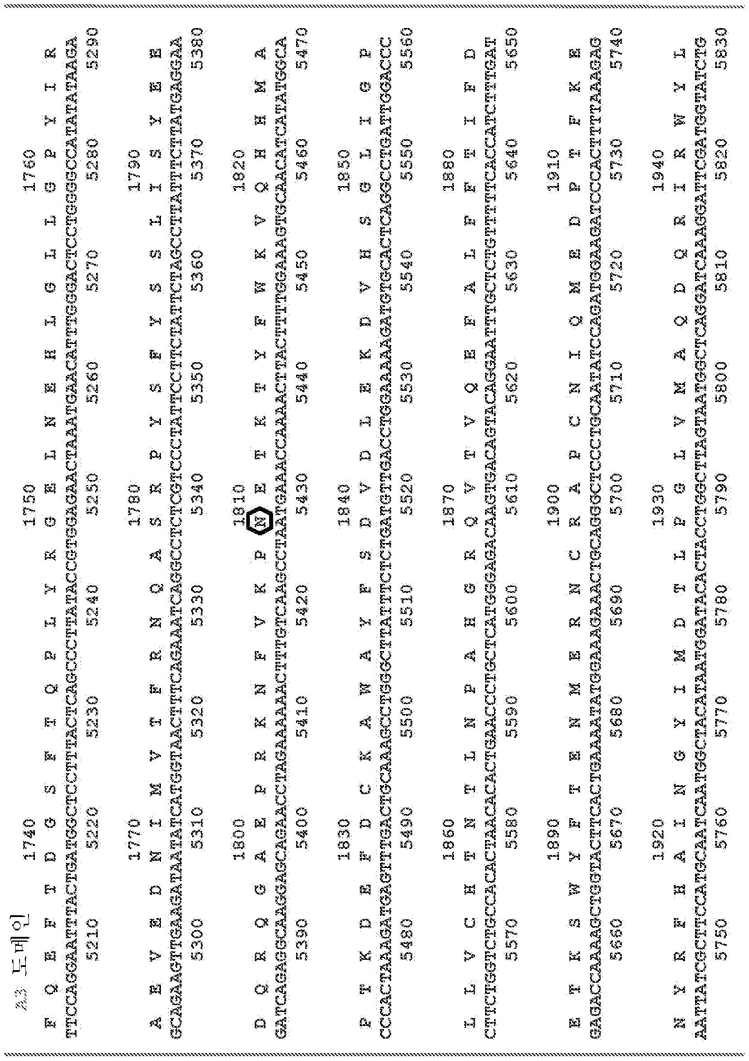
도면30c



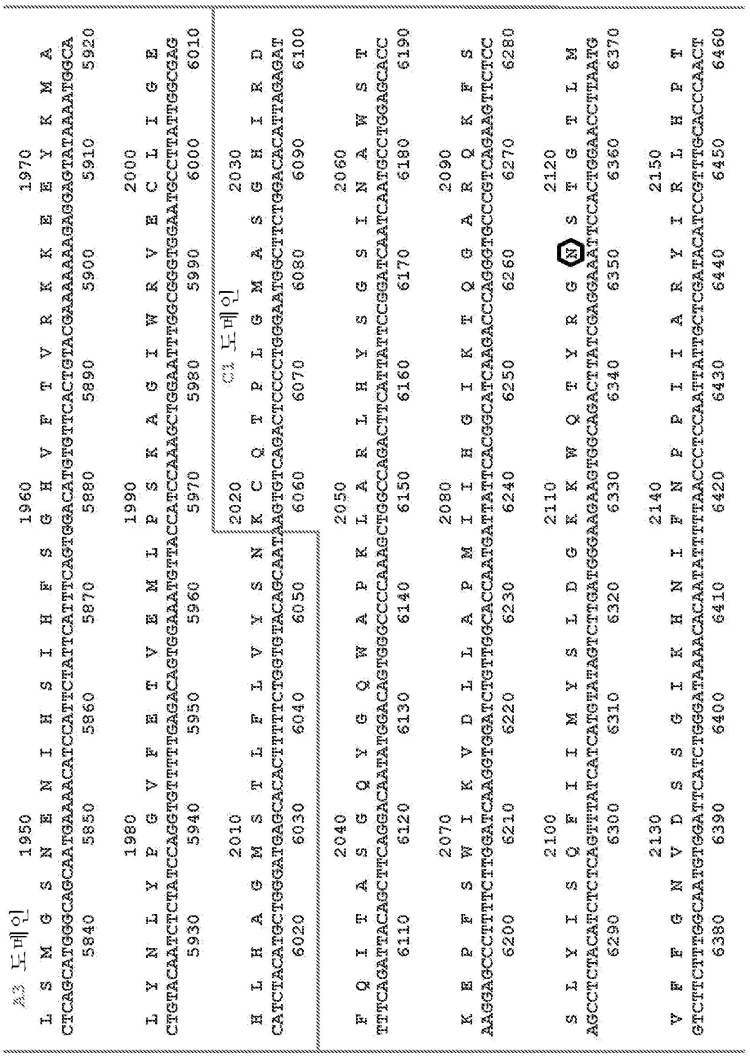
도면30d



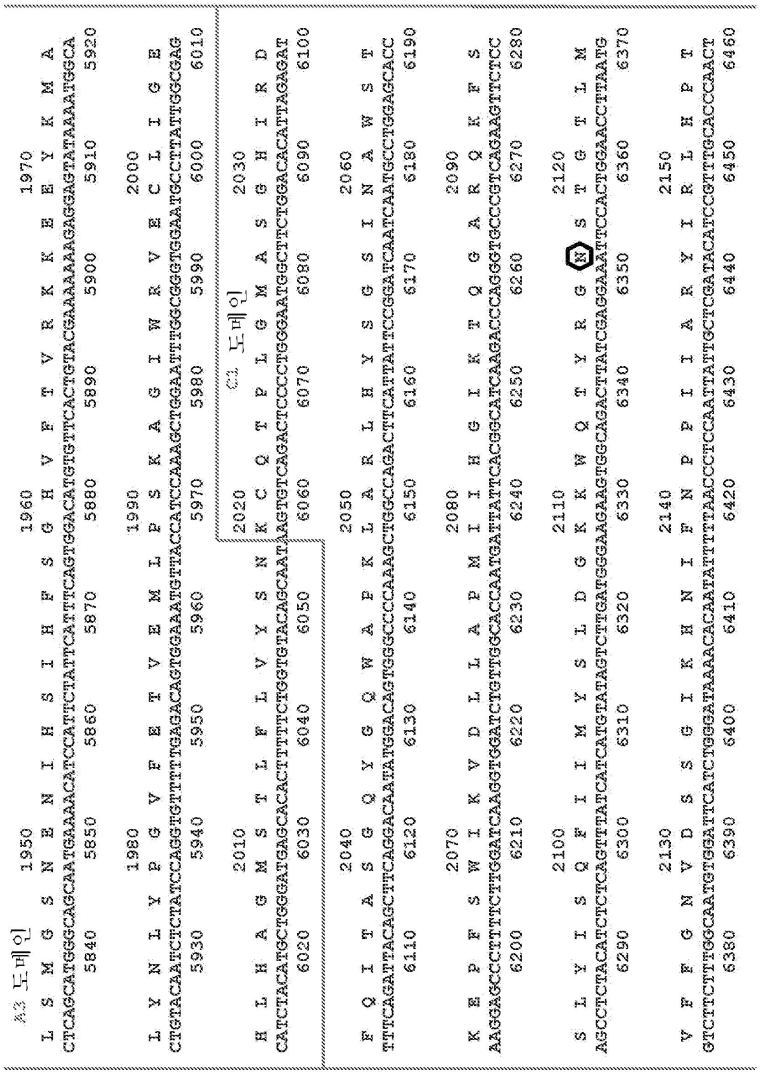
도면30e



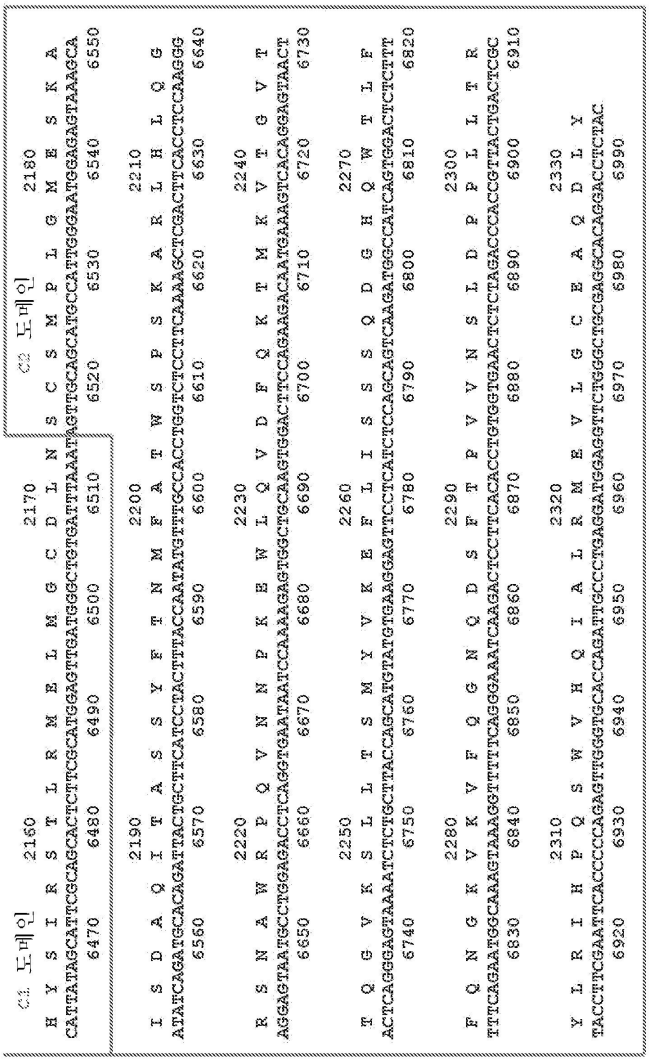
도면30f



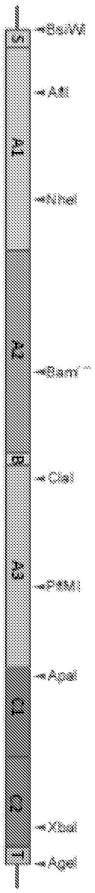
도면30ga



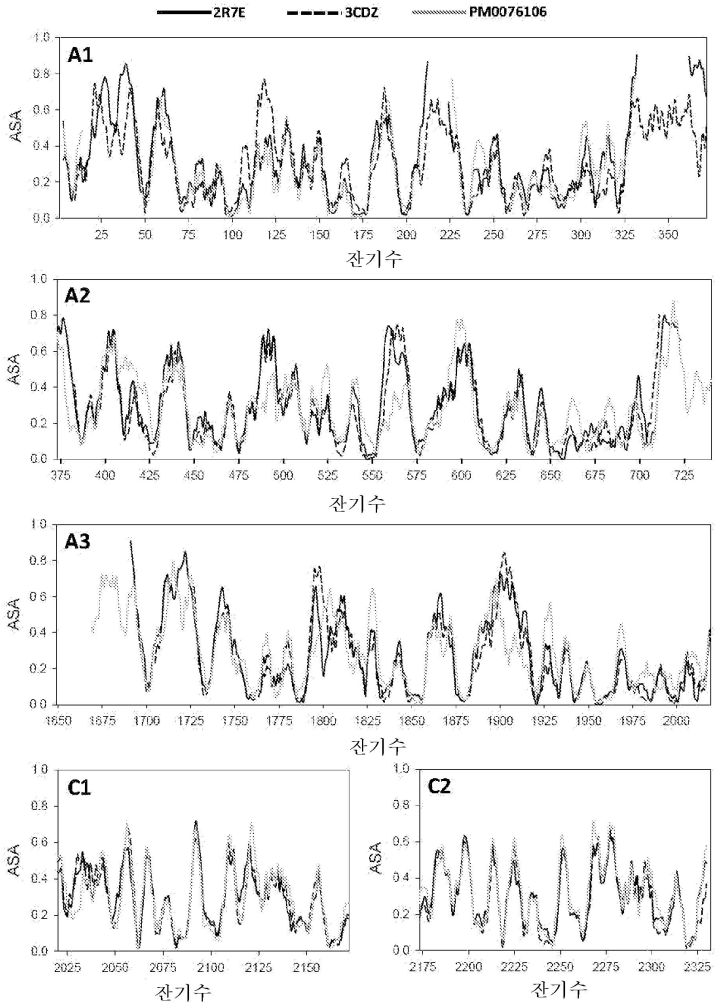
도면30gb



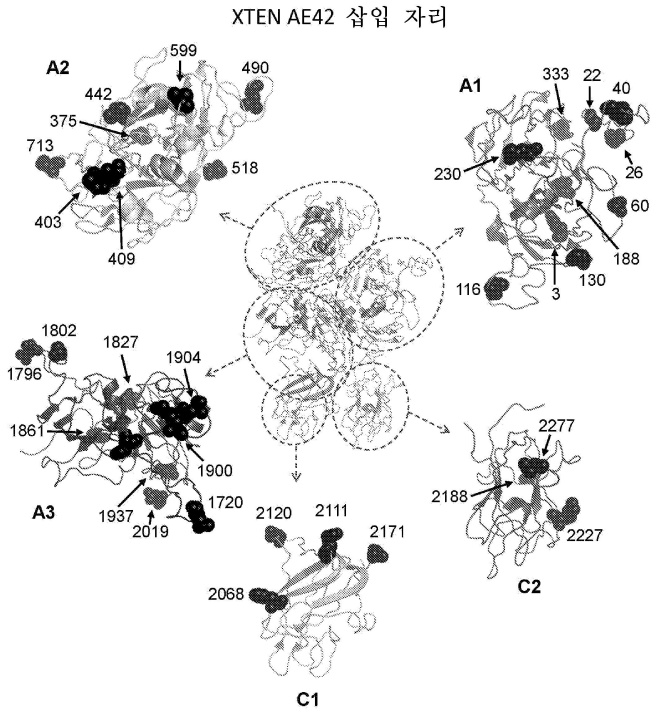
도면31


S
A1
A2
B
A3
C1
C2
T
BsiWI
AflII
NheI
BamHI
ClaI
PflMI
ApaI
XbaI
AgeI

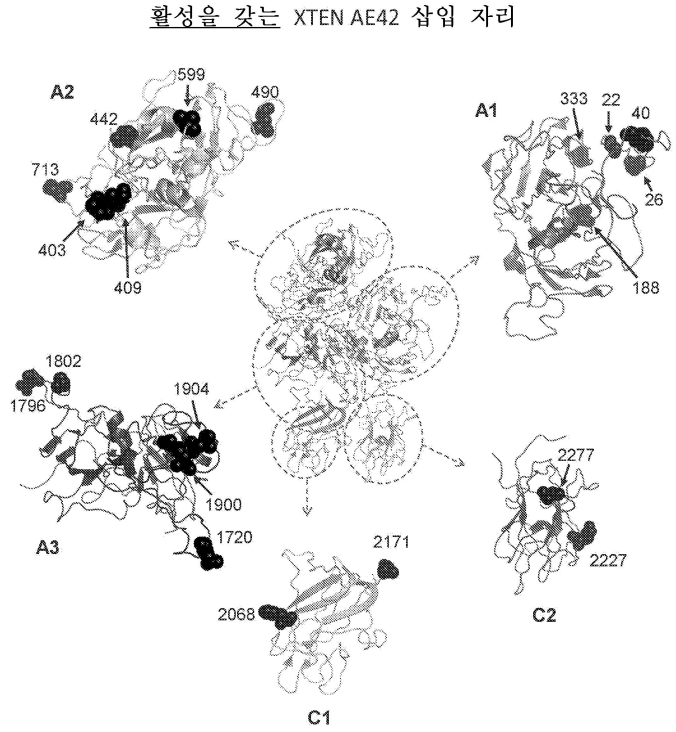
도면32



도면33

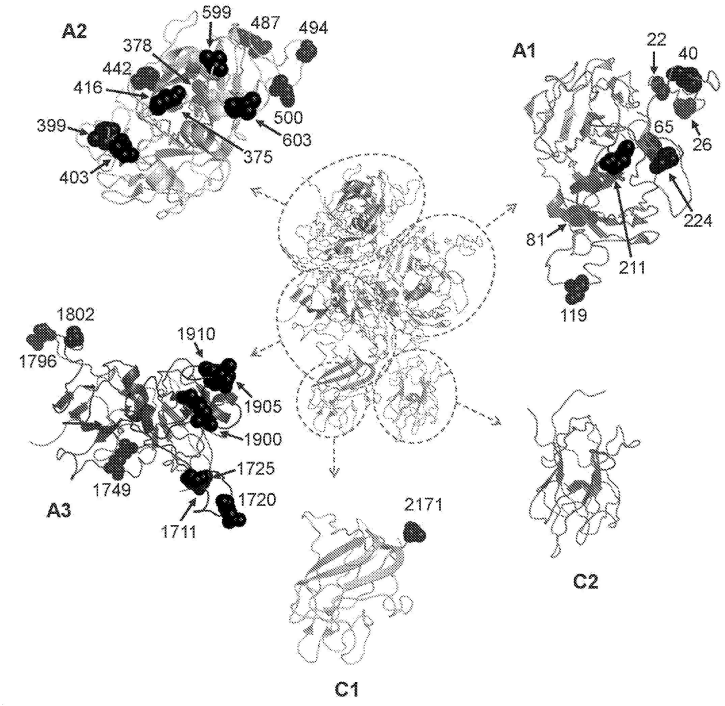

XTEN AE42 삽입 자리
A2
599
490
442
375
713
518
403
409
A1
333
22
40
230
26
60
188
116
3
130
1802
1827
1904
1796
1861
1900
A3
1937
1720
2019
2120
2111
2171
2068
C1
2277
2188
2227
C2

도면34


활성을 갖는 XTEN AE42 삽입 자리
A2
599
490
442
713
403
409
A1
333
22
40
26
188
1802
1796
1904
1900
A3
1720
2171
2068
C1
2277
2227
C2

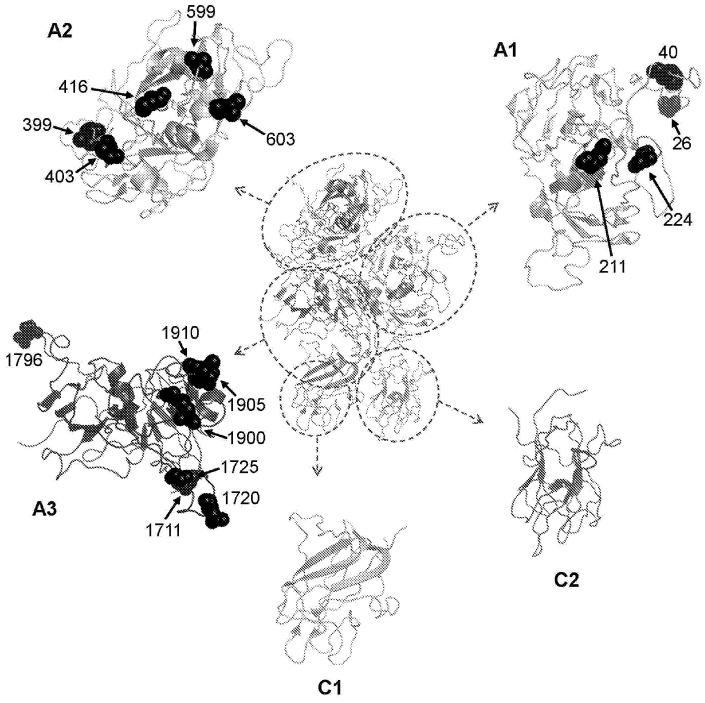
도면35

XTEN 144 삽입 자리

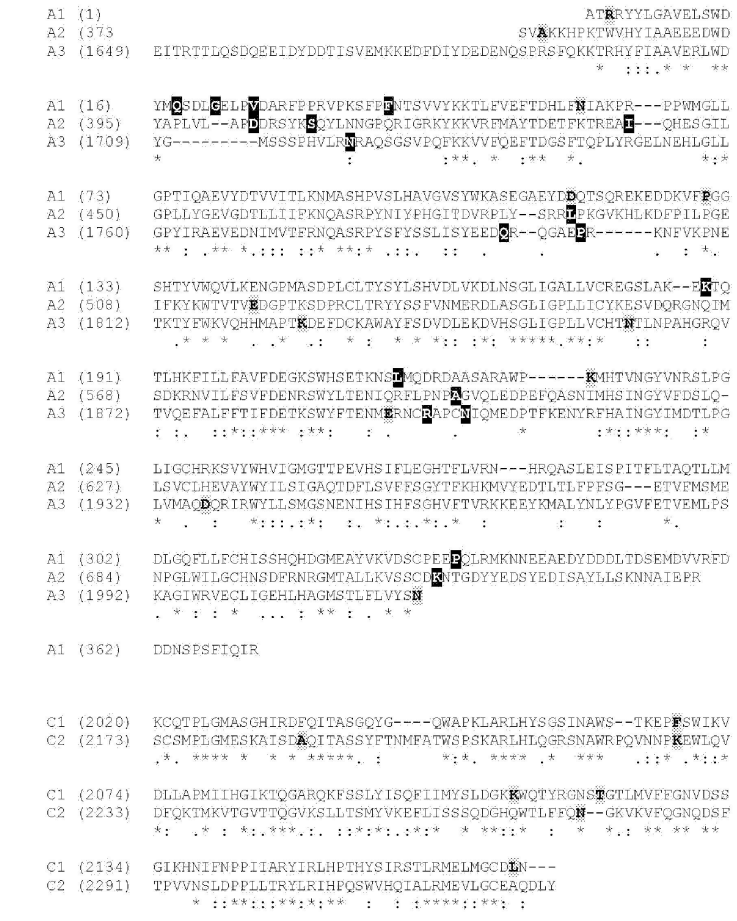


도면36

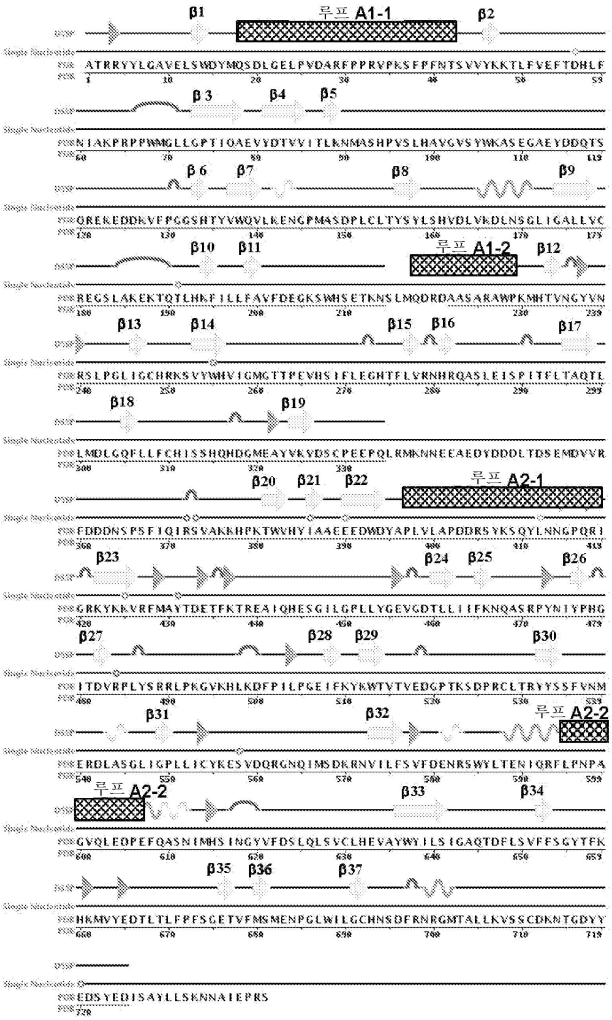
활성을 갖는 XTEN 144 삽입 자리



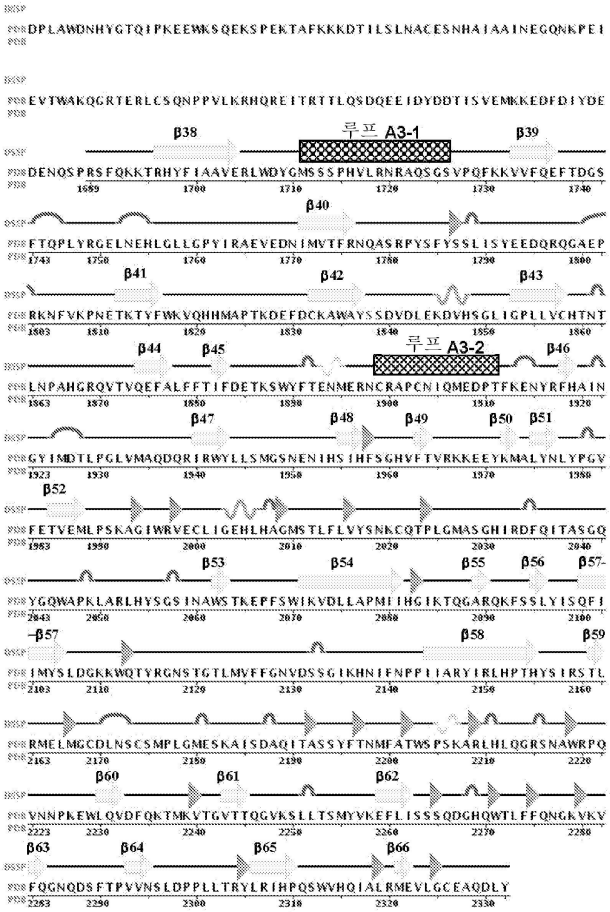
도면37


A1 (1)
A2 (373
A3 (1649) EITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWD
A1 (16) YMQSDLGELDYDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPR---PPWMGLL
A2 (395) YAPLVL--APDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAI---QHESGIL
A3 (1709) YG---------MSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLL
A1 (73) GPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGG
A2 (450) GPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLY--SRRLPKGVKHLKDFPILPGE
A3 (1760) GPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQR--QGAEPR------KNFVKPNE
A1 (133) SHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAK--EKTQ
A2 (508) IFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIM
A3 (1812) TKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV
A1 (191) TLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWP------KMHTVNGYVNRSLPG
A2 (568) SDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQ-
A3 (1872) TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPG
A1 (245) LIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRN---HRQASLEISPITFLTAQTLLM
A2 (627) LSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSG---ETVFMSME
A3 (1932) LVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPS
A1 (302) DLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFD
A2 (684) NPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPR
A3 (1992) KAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSN
A1 (362) DDNSPSFIQIR
C1 (2020) KCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYG----QWAPKLARLHYSGSINAWS--TKEPFSWIKV
C2 (2173) SCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQV
C1 (2074) DLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSS
C2 (2233) DFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQN--GKVKVFQGNQDSF
C1 (2134) GIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLN---
C2 (2291) TPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY

도면38


β1
루프 A1-1
β2
β3
β4
β5
β6
β7
β8
β9
β10
β11
루프 A1-2
β12
β13
β14
β15
β16
β17
β18
β19
β20
β21
β22
루프 A2-1
β23
β24
β25
β26
β27
β28
β29
β30
β31
β32
루프 A2-2
β33
β34
루프 A2-2
β35
β36
β37

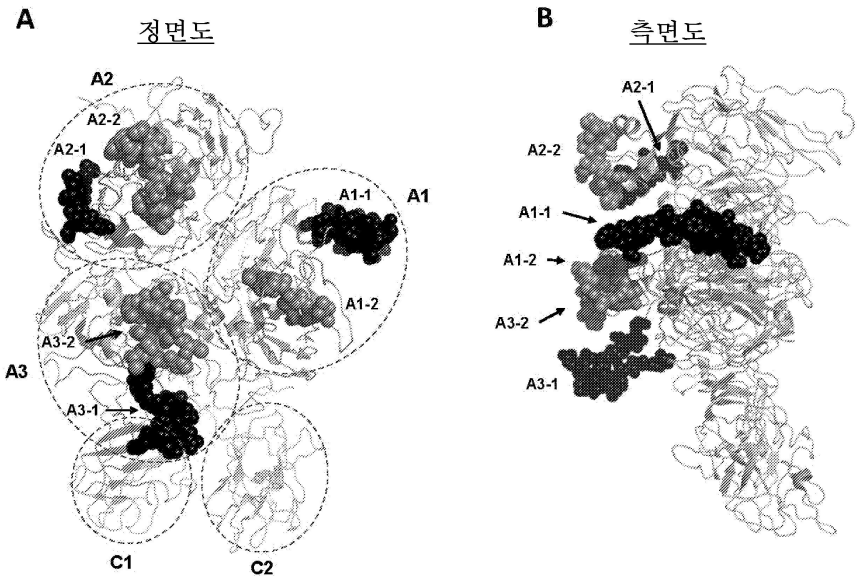
도면39


DPLAWDNHYGTQIPKEEWKSQEKSPEKTAFKKKDTILSLNACESNHAIAAINEGQNKPEI
EVTWAKQGRTERLCSQNPPVLKRHQREITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDE
β38
루프 A3-1
β39
DENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWDYGMSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGS
1689
1700
1710
1720
1730
1740
β40
FTQPLYRGELNEHLGLLGPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQRQGAEP
1743
1750
1760
1770
1780
1790
1800
β41
β42
β43
RKNFVKPNETKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNT
1803
1810
1820
1830
1840
1850
1860
β44
β45
루프 A3-2
β46
LNPAHGRQVTVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAIN
1863
1870
1880
1890
1900
1910
1920
β47
β48
β49
β50
β51
GYIMDTLPGLVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGV
1923
1930
1940
1950
1960
1970
1980
β52
FETVEMLPSKAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSNKCQTPLGMASGHIRDFQITASGQ
1983
1990
2000
2010
2020
2030
2040
β53
β54
β55
β56
β57-
YGQWAPKLARLHYSGSINAWSTKEPFSWIKVDLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFI
2043
2050
2060
2070
2080
2090
2100
β57
β58
β59
IMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSSGIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTL
2103
2110
2120
2130
2140
2150
2160
RMELMGCDLNSCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQ
2163
2170
2180
2190
2200
2210
2220
β60
β61
β62
VNNPKEWLQVDFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQNGKVKV
2223
2230
2240
2250
2260
2270
2280
β63
β64
β65
β66
FQGNQDSFTPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
2283
2290
2300
2310
2320
2330

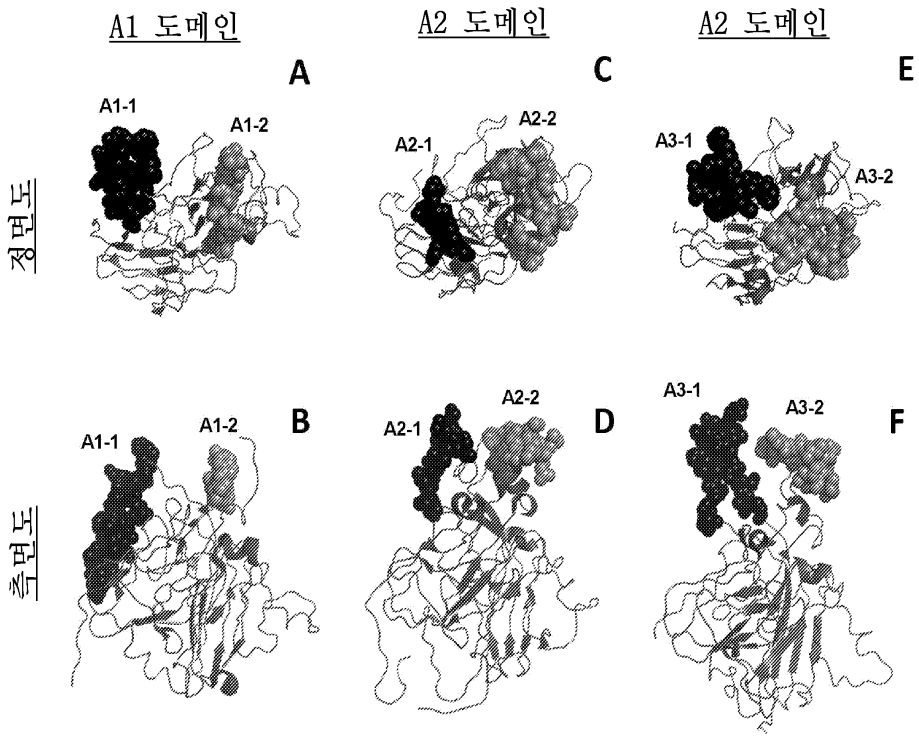
도면40

```
A1 (1)                                                  ATRRYYLGAVELSWD
A2 (373                                          SVAKKHPKTWVHYIAAEEEDWD
A3 (1649)   EITRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRHYFIAAVERLWD
                                                          *  :::.* *  **

A1 (16)     YMQSDLGELPVDARFPPRVPKSFPFNTSVVYKKTLFVEFTDHLFNIAKPR---PPWMGLL
A2 (395)    YAPLVL--APDDRSYKSQYLNNGPQRIGRKYKKVRFMAYTDETFKTREAI---QHESGIL
A3 (1709)   YG---------MSSSPHVLRNRAQSGSVPQFKKVVFQEFTDGSFTQPLYRGELNEHLGLL
            *                   :         :**. *  :**  *.            *:*

A1 (73)     GPTIQAEVYDTVVITLKNMASHPVSLHAVGVSYWKASEGAEYDDQTSQREKEDDKVFPGG
A2 (450)    GPLLYGEVGDTLLIIFKNQASRPYNIYPHGITDVRPLY--SRRLPKGVKHLKDFPILPGE
A3 (1760)   GPYIRAEVEDNIMVTFRNQASRPYSFYSSLISYEEDQR--QGAEPR------KNFVKPNE
            ** : .** *.::: ::* **:* .::.  ::  .     .           .  : *.

A1 (133)    SHTYVWQVLKENGPMASDPLCLTYSYLSHVDLVKDLNSGLIGALLVCREGSLAK--EKTQ
A2 (508)    IFKYKWTVTVEDGPTKSDPRCLTRYYSSFVNMERDLASGLIGPLLICYKESVDQRGNQIM
A3 (1812)   TKTYFWKVQHHMAPTKDEFDCKAWAYFSDVDLEKDVHSGLIGPLLVCHTNTLNPAHGRQV
              .* * *  . .*  .:  * :  * * *:: :*: *****.**:*   ::     :

A1 (191)    TLHKFILLFAVFDEGKSWHSETKNSLMQDRDAASARAWP------KMHTVNGYVNRSLPG
A2 (568)    SDKRNVILFSVFDENRSWYLTENIQRFLPNPAGVQLEDPEFQASNIMHSINGYVFDSLQ-
A3 (1872)   TVQEFALFFTIFDETKSWYFTENMERNCRAPCNIQMEDPTFKENYRFHAINGYIMDTLPG
            : :.  ::*::*** :**:    : .       .       *       :*::***:  :*

A1 (245)    LIGCHRKSVYWHVIGMGTTPEVHSIFLEGHTFLVRN---HRQASLEISPITFLTAQTLLM
A2 (627)    LSVCLHEVAYWYILSIGAQTDFLSVFFSGYTFKHKMVYEDTLTLFPFSG---ETVFMSME
A3 (1932)   LVMAQDQRIRWYLLSMGSNENIHSIHFSGHVFTVRKKEEYKMALYNLYPGVFETVEMLPS
            *  .  :   *:::.:*:  :. *:.:.*:.*  :       :   :      *.

A1 (302)    DLGQFLLFCHISSHQHDGMEAYVKVDSCPEEPQLRMKNNEEAEDYDDDLTDSEMDVVRFD
A2 (684)    NPGLWILGCHNSDFRNRGMTALLKVSSCDKNTGDYYEDSYEDISAYLLSKNNAIEPR
A3 (1992)   KAGIWRVECLIGEHLHAGMSTLFLVYSN
            . * : : *  ... : ** : . * *

A1 (362)    DDNSPSFIQIR


C1 (2020)   KCQTPLGMASGHIRDFQITASGQYG----QWAPKLARLHYSGSINAWS--TKEPFSWIKV
C2 (2173)   SCSMPLGMESKAISDAQITASSYFTNMFATWSPSKARLHLQGRSNAWRPQVNNPKEWLQV
            .*. **** *  * * *****. :      *:*. **** .*  ***   .::* .*::*

C1 (2074)   DLLAPMIIHGIKTQGARQKFSSLYISQFIIMYSLDGKKWQTYRGNSTGTLMVFFGNVDSS
C2 (2233)   DFQKTMKVTGVTTQGVKSLLTSMYVKEFLISSSQDGHQWTLFFQN--GKVKVFQGNQDSF
            *:  .* : *:.***.:. ::*:*:.:*:*  * **::*  :  *  *.: ** ** **

C1 (2134)   GIKHNIFNPPIIARYIRLHPTHYSIRSTLRMELMGCDLN---
C2 (2291)   TPVVNSLDPPLLTRYLRIHPQSWVHQIALRMEVLGCEAQDLY
                * ::**:::**:*:**  :  : :****::**: :
```

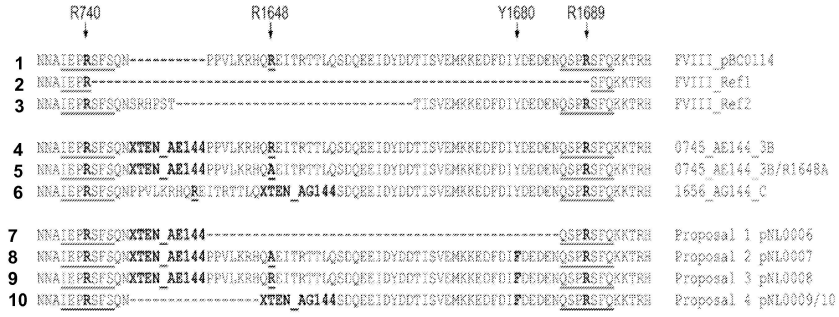
도면41



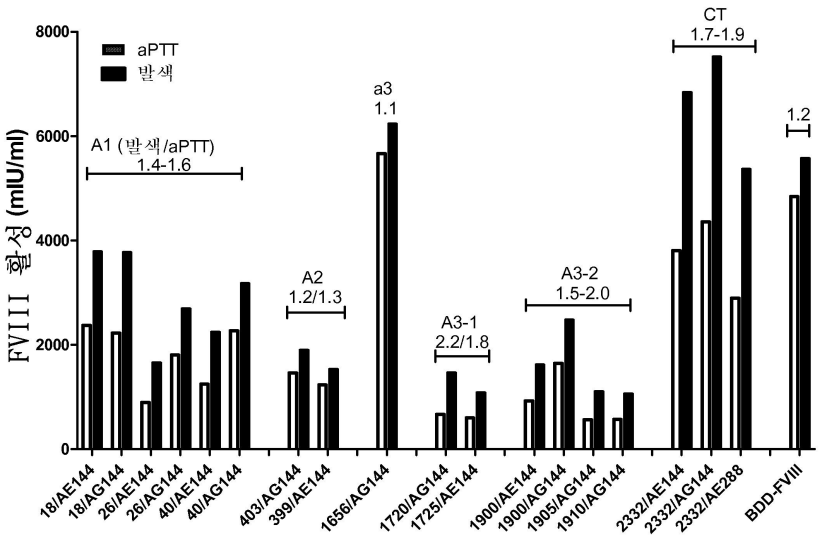
도면42


A1 도메인
A2 도메인
A2 도메인
A
C
E
정면도
A1-1
A1-2
A2-1
A2-2
A3-1
A3-2
B
D
F
측면도
A1-1
A1-2
A2-1
A2-2
A3-1
A3-2

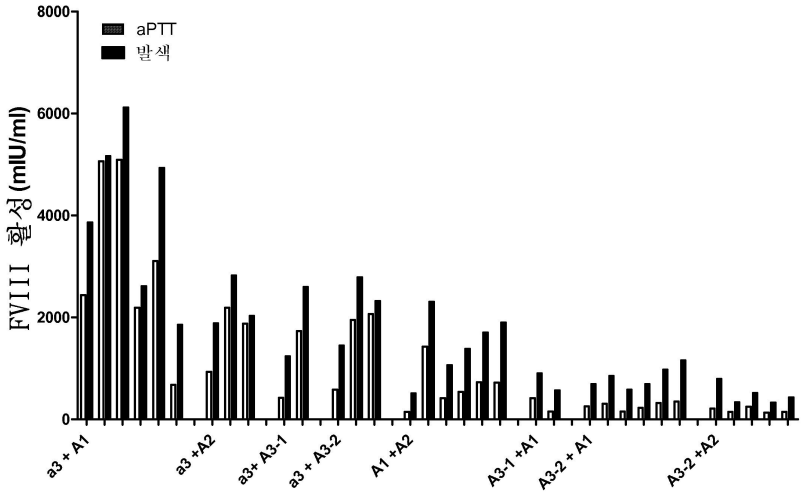
도면43


R740
R1648
Y1680
R1689
1 NNAIEPRSFSQN----------PPVLKRHQRETTRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKREDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRH FVIII_pBC0114
2 NNAIEPR----------SFQKKTRH FVIII_Ref1
3 NNAIEPRSFSQNSRHPST----------TISVEMKREDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRH FVIII_Ref2
4 NNAIEPRSFSQNXTEN_AE144PPVLKRHQRETTRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKREDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRH 0745_AE144_3B
5 NNAIEPRSFSQNXTEN_AE144PPVLKRHQAETTRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKREDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRH 0745_AE144_3B/R1648A
6 NNAIEPRSFSQNPPVLKRHQRETTRTTLQXTEN_AG144SDQEEIDYDDTISVEMKREDFDIYDEDENQSPRSFQKKTRH 1656_AG144_C
7 NNAIEPRSFSQNXTEN_AE144----------QSPRSFQKKTRH Proposal 1 pNL0006
8 NNAIEPRSFSQNXTEN_AE144PPVLKRHQAETTRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIFDEDENQSPRSFQKKTRH Proposal 2 pNL0007
9 NNAIEPRSFSQNXTEN_AE144PPVLKRHQRETTRTTLQSDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIFDEDENQSPRSFQKKTRH Proposal 3 pNL0008
10 NNAIEPRSFSQN----------XTEN_AG144SDQEEIDYDDTISVEMKKEDFDIFDEDENQSPRSFQKKTRH Proposal 4 pNL0009/10

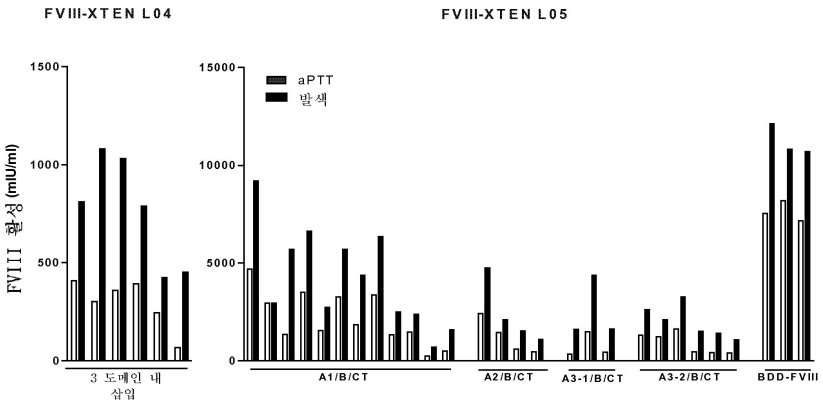
도면44



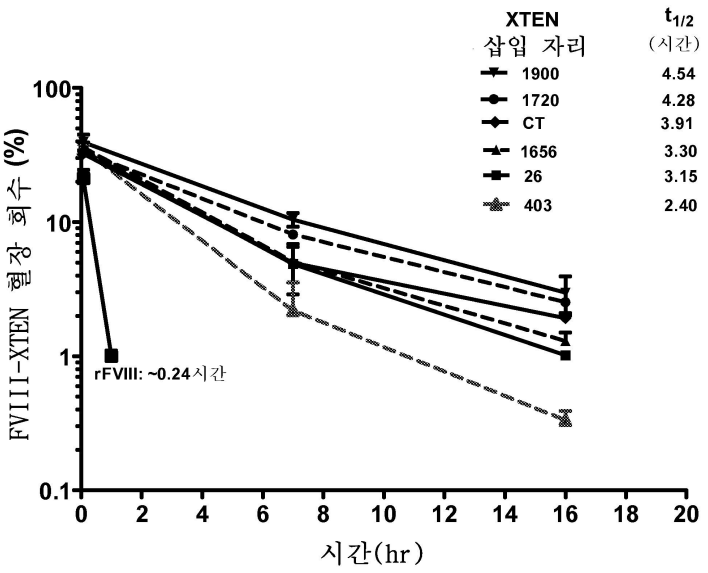
도면45



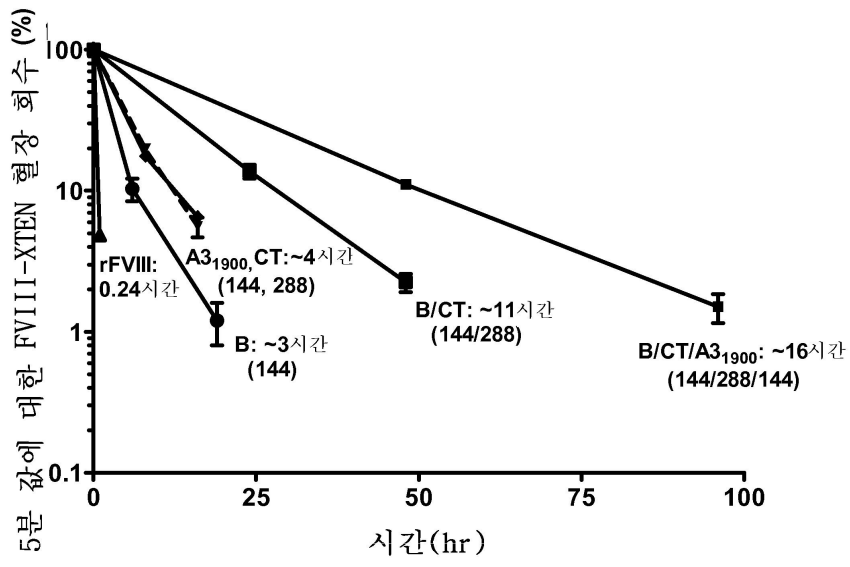
도면46



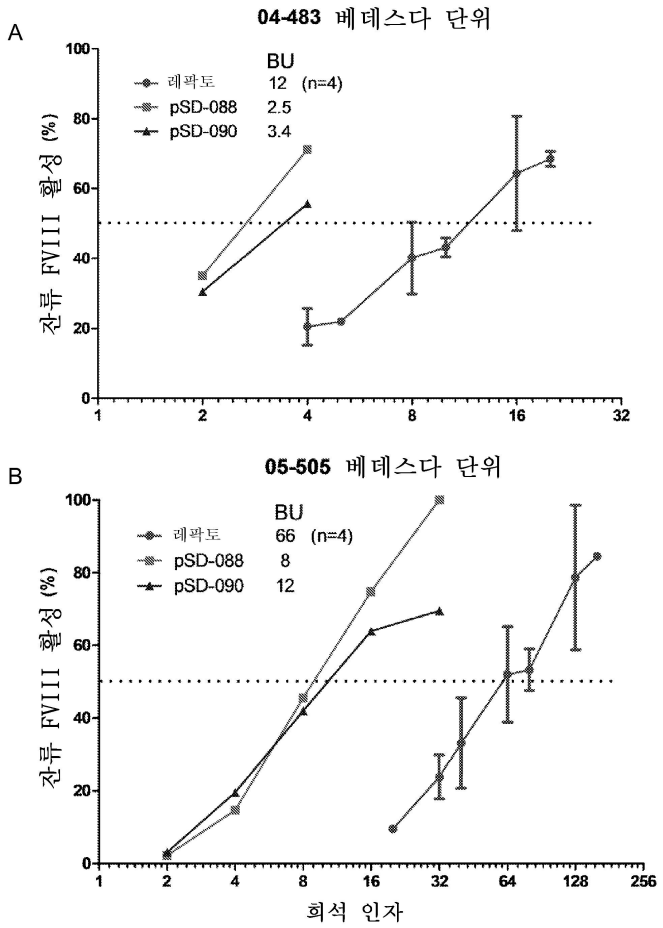
도면47


XTEN
삽입 자리
$t_{1/2}$
(시간)
1900 4.54
1720 4.28
CT 3.91
1656 3.30
26 3.15
403 2.40
FVIII-XTEN 혈장 회수 (%)
100
10
1
0.1
rFVIII: ~0.24시간
0 2 4 6 8 10 12 14 16 18 20
시간(hr)

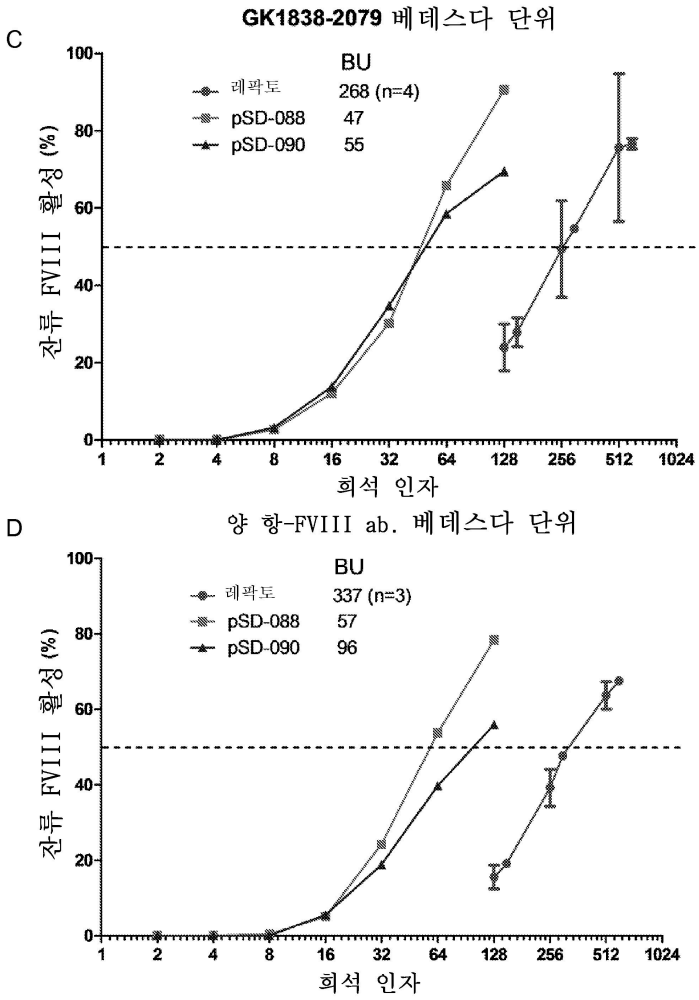
도면48


5분 값에 대한 FVIII-XTEN 혈장 회수 (%)
100
10
1
0.1
rFVIII:
0.24시간
$A3_{1900}$, CT:~4시간
(144, 288)
B: ~3시간
(144)
B/CT: ~11시간
(144/288)
$B/CT/A3_{1900}$: ~16시간
(144/288/144)
0 25 50 75 100
시간(hr)

도면49a


A
04-483 베데스다 단위
BU
레콰토 12 (n=4)
pSD-088 2.5
pSD-090 3.4
잔류 FVIII 활성 (%)
B
05-505 베데스다 단위
BU
레콰토 66 (n=4)
pSD-088 8
pSD-090 12
잔류 FVIII 활성 (%)
희석 인자

도면49b



서 열 목 록

SEQUENCE LISTING

<110> AMUNIX OPERATING INC.

BIOGEN IDEC MA INC.

<120> FACTOR VIII COMPOSITIONS AND METHODS OF MAKING AND USING SAME

<130> WO2013/122617

<140> PCT/US2012/046326

<141> 2012-07-11

<150> US 61/599,400

<151> 2012-02-15

<160> 1700

<170> PatentIn version 2.0

<210> 1

<211> 2351

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15

Cys Phe Ser Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser
20 25 30

Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg
35 40 45

Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val
50 55 60

Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile
65 70 75 80

Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln
85 90 95

Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser
100 105 110

His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser
115 120 125

Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp
130 135 140

Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu
145 150 155 160

Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser
165 170 175

Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile
180 185 190

Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr
195 200 205

Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly

210 215 220

Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp

225 230 235 240

Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr

245 250 255

Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val

260 265 270

Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile

275 280 285

Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser

290 295 300

Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met

305 310 315 320

Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His

325 330 335

Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro

340 345 350

Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp

355 360 365

Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser

370 375 380

Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr

385 390 395 400

Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro

405 410 415

Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

420 425 430

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met

435 440 445

Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu

450 455 460

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu
465 470 475 480
Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro
485 490 495
His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys
500 505 510
Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe
515 520 525

Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp
530 535 540
Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg
545 550 555 560
Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu
565 570 575
Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val
580 585 590

Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu
595 600 605
Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp
610 615 620
Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val
625 630 635 640
Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp
645 650 655

Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe
660 665 670
Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr
675 680 685
Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro
690 695 700
Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly

705 710 715 720

Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp
725 730 735
Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys
740 745 750
Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro
755 760 765
Ser Thr Arg Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp
770 775 780

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

Ser Leu Ser Glu Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly
850 855 860
Asp Met Val Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu
865 870 875 880
Lys Leu Gly Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys
885 890 895
Val Ser Ser Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn
900 905 910

Leu Ala Ala Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser Met
915 920 925
Pro Val His Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys
930 935 940
Ser Ser Pro Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu
945 950 955 960

Asn Asn Asp Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln Glu
965 970 975

Ser Ser Trp Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg Leu Phe
980 985 990
Lys Gly Lys Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Ala
995 1000 1005
Leu Phe Lys Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr Asn Lys Thr Ser
1010 1015 1020
Asn Asn Ser Ala Thr Asn Arg Lys Thr His Ile Asp Gly Pro Ser
1025 1030 1035

Leu Leu Ile Glu Asn Ser Pro Ser Val Trp Gln Asn Ile Leu Glu
1040 1045 1050
Ser Asp Thr Glu Phe Lys Lys Val Thr Pro Leu Ile His Asp Arg
1055 1060 1065
Met Leu Met Asp Lys Asn Ala Thr Ala Leu Arg Leu Asn His Met
1070 1075 1080
Ser Asn Lys Thr Thr Ser Ser Lys Asn Met Glu Met Val Gln Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Glu Gly Pro Ile Pro Pro Asp Ala Gln Asn Pro Asp Met
1100 1105 1110
Ser Phe Phe Lys Met Leu Phe Leu Pro Glu Ser Ala Arg Trp Ile
1115 1120 1125
Gln Arg Thr His Gly Lys Asn Ser Leu Asn Ser Gly Gln Gly Pro
1130 1135 1140
Ser Pro Lys Gln Leu Val Ser Leu Gly Pro Glu Lys Ser Val Glu
1145 1150 1155

Gly Gln Asn Phe Leu Ser Glu Lys Asn Lys Val Val Val Gly Lys
1160 1165 1170
Gly Glu Phe Thr Lys Asp Val Gly Leu Lys Glu Met Val Phe Pro
1175 1180 1185
Ser Ser Arg Asn Leu Phe Leu Thr Asn Leu Asp Asn Leu His Glu

1190 1195 1200

Asn Asn Thr His Asn Gln Glu Lys Lys Ile Gln Glu Glu Ile Glu

1205 1210 1215

Lys Lys Glu Thr Leu Ile Gln Glu Asn Val Val Leu Pro Gln Ile

1220 1225 1230

His Thr Val Thr Gly Thr Lys Asn Phe Met Lys Asn Leu Phe Leu

1235 1240 1245

Leu Ser Thr Arg Gln Asn Val Glu Gly Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr

1250 1255 1260

Ala Pro Val Leu Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp Ser Thr Asn

1265 1270 1275

Arg Thr Lys Lys His Thr Ala His Phe Ser Lys Lys Gly Glu Glu

1280 1285 1290

Glu Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln Ile Val Glu

1295 1300 1305

Lys Tyr Ala Cys Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr Ser Gln Gln

1310 1315 1320

Asn Phe Val Thr Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys Gln Phe Arg

1325 1330 1335

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

1340 1345 1350

Asp Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His Leu Thr Pro

1355 1360 1365

Ser Thr Leu Thr Gln Ile Asp Tyr Asn Glu Lys Glu Lys Gly Ala

1370 1375 1380

Ile Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys Leu Thr Arg Ser His Ser

1385 1390 1395

Ile Pro Gln Ala Asn Arg Ser Pro Leu Pro Ile Ala Lys Val Ser

1400 1405 1410

Ser Phe Pro Ser Ile Arg Pro Ile Tyr Leu Thr Arg Val Leu Phe

1415 1420 1425

Gln Asp Asn Ser Ser His Leu Pro Ala Ala Ser Tyr Arg Lys Lys
1430 1435 1440
Asp Ser Gly Val Gln Glu Ser Ser His Phe Leu Gln Gly Ala Lys
1445 1450 1455

Lys Asn Asn Leu Ser Leu Ala Ile Leu Thr Leu Glu Met Thr Gly
1460 1465 1470
Asp Gln Arg Glu Val Gly Ser Leu Gly Thr Ser Ala Thr Asn Ser
1475 1480 1485
Val Thr Tyr Lys Lys Val Glu Asn Thr Val Leu Pro Lys Pro Asp
1490 1495 1500
Leu Pro Lys Thr Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Pro Lys Val His
1505 1510 1515

Ile Tyr Gln Lys Asp Leu Phe Pro Thr Glu Thr Ser Asn Gly Ser
1520 1525 1530
Pro Gly His Leu Asp Leu Val Glu Gly Ser Leu Leu Gln Gly Thr
1535 1540 1545
Glu Gly Ala Ile Lys Trp Asn Glu Ala Asn Arg Pro Gly Lys Val
1550 1555 1560
Pro Phe Leu Arg Val Ala Thr Glu Ser Ser Ala Lys Thr Pro Ser
1565 1570 1575

Lys Leu Leu Asp Pro Leu Ala Trp Asp Asn His Tyr Gly Thr Gln
1580 1585 1590
Ile Pro Lys Glu Glu Trp Lys Ser Gln Glu Lys Ser Pro Glu Lys
1595 1600 1605
Thr Ala Phe Lys Lys Lys Asp Thr Ile Leu Ser Leu Asn Ala Cys
1610 1615 1620
Glu Ser Asn His Ala Ile Ala Ala Ile Asn Glu Gly Gln Asn Lys
1625 1630 1635

Pro Glu Ile Glu Val Thr Trp Ala Lys Gln Gly Arg Thr Glu Arg
1640 1645 1650
Leu Cys Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu

1655 1660 1665

Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr

1670 1675 1680

Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile

1685 1690 1695

Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

1700 1705 1710

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr

1715 1720 1725

Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser

1730 1735 1740

Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr

1745 1750 1755

Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu

1760 1765 1770

His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp

1775 1780 1785

Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser

1790 1795 1800

Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly

1805 1810 1815

Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr

1820 1825 1830

Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu

1835 1840 1845

Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

1850 1855 1860

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His

1865 1870 1875

Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln

1880 1885 1890

Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp
1895 1900 1905
Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn
1910 1915 1920
Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His
1925 1930 1935

Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met
1940 1945 1950
Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser
1955 1960 1965
Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr
1970 1975 1980
Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr
1985 1990 1995

Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly
2000 2005 2010
Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly
2015 2020 2025
Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro
2030 2035 2040
Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala
2045 2050 2055

Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His
2060 2065 2070
Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser
2075 2080 2085
Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile
2090 2095 2100
Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser
2105 2110 2115

Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr

2120 2125 2130

Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn

2135 2140 2145

Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile

2150 2155 2160

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg

2165 2170 2175

Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys

2180 2185 2190

Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln

2195 2200 2205

Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser

2210 2215 2220

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp

2225 2230 2235

Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe

2240 2245 2250

Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys

2255 2260 2265

Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser

2270 2275 2280

Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys

2285 2290 2295

Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val

2300 2305 2310

Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His

2315 2320 2325

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

2330 2335 2340

Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

2345 2350

<210> 2

<211> 2332

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg

740 745 750

Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys

755 760 765

Thr Asp Pro Trp Phe Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn

770 775 780

Val Ser Ser Ser Asp Leu Leu Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro

785 790 795 800

His Gly Leu Ser Leu Ser Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe

805 810 815

Ser Asp Asp Pro Ser Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser

820 825 830

Glu Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val

835 840 845

Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu Gly

850 855 860

Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val Ser Ser

865 870 875 880

Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn Leu Ala Ala

885 890 895

Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser Met Pro Val His

900 905 910

Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys Ser Ser Pro

915 920 925

Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu Asn Asn Asp

930 935 940

Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp

945 950 955 960

Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly Lys
965 970 975

Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys
980 985 990

Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr Asn Lys Thr Ser Asn Asn Ser Ala
995 1000 1005

Thr Asn Arg Lys Thr His Ile Asp Gly Pro Ser Leu Leu Ile Glu
1010 1015 1020

Asn Ser Pro Ser Val Trp Gln Asn Ile Leu Glu Ser Asp Thr Glu
1025 1030 1035

Phe Lys Lys Val Thr Pro Leu Ile His Asp Arg Met Leu Met Asp
1040 1045 1050

Lys Asn Ala Thr Ala Leu Arg Leu Asn His Met Ser Asn Lys Thr
1055 1060 1065

Thr Ser Ser Lys Asn Met Glu Met Val Gln Gln Lys Lys Glu Gly
1070 1075 1080

Pro Ile Pro Pro Asp Ala Gln Asn Pro Asp Met Ser Phe Phe Lys
1085 1090 1095

Met Leu Phe Leu Pro Glu Ser Ala Arg Trp Ile Gln Arg Thr His
1100 1105 1110

Gly Lys Asn Ser Leu Asn Ser Gly Gln Gly Pro Ser Pro Lys Gln
1115 1120 1125

Leu Val Ser Leu Gly Pro Glu Lys Ser Val Glu Gly Gln Asn Phe
1130 1135 1140

Leu Ser Glu Lys Asn Lys Val Val Val Gly Lys Gly Glu Phe Thr
1145 1150 1155

Lys Asp Val Gly Leu Lys Glu Met Val Phe Pro Ser Ser Arg Asn
1160 1165 1170

Leu Phe Leu Thr Asn Leu Asp Asn Leu His Glu Asn Asn Thr His
1175 1180 1185

Asn Gln Glu Lys Lys Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys Lys Glu Thr

1190 1195 1200

Leu Ile Gln Glu Asn Val Val Leu Pro Gln Ile His Thr Val Thr
1205 1210 1215
Gly Thr Lys Asn Phe Met Lys Asn Leu Phe Leu Leu Ser Thr Arg
1220 1225 1230
Gln Asn Val Glu Gly Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu
1235 1240 1245
Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys
1250 1255 1260

His Thr Ala His Phe Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu
1265 1270 1275
Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys
1280 1285 1290
Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr
1295 1300 1305
Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu
1310 1315 1320

Glu Thr Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr
1325 1330 1335
Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr
1340 1345 1350
Gln Ile Asp Tyr Asn Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser
1355 1360 1365
Pro Leu Ser Asp Cys Leu Thr Arg Ser His Ser Ile Pro Gln Ala
1370 1375 1380

Asn Arg Ser Pro Leu Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser
1385 1390 1395
Ile Arg Pro Ile Tyr Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser
1400 1405 1410
Ser His Leu Pro Ala Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val
1415 1420 1425

```
Gln Glu  Ser Ser His Phe Leu  Gln Gly Ala Lys Lys  Asn Asn Leu
    1430                 1435                 1440

Ser Leu  Ala Ile Leu Thr Leu  Glu Met Thr Gly Asp  Gln Arg Glu
    1445                 1450                 1455
Val Gly  Ser Leu Gly Thr Ser  Ala Thr Asn Ser Val  Thr Tyr Lys
    1460                 1465                 1470
Lys Val  Glu Asn Thr Val Leu  Pro Lys Pro Asp Leu  Pro Lys Thr
    1475                 1480                 1485
Ser Gly  Lys Val Glu Leu Leu  Pro Lys Val His Ile  Tyr Gln Lys
    1490                 1495                 1500

Asp Leu  Phe Pro Thr Glu Thr  Ser Asn Gly Ser Pro  Gly His Leu
    1505                 1510                 1515
Asp Leu  Val Glu Gly Ser Leu  Leu Gln Gly Thr Glu  Gly Ala Ile
    1520                 1525                 1530
Lys Trp  Asn Glu Ala Asn Arg  Pro Gly Lys Val Pro  Phe Leu Arg
    1535                 1540                 1545
Val Ala  Thr Glu Ser Ser Ala  Lys Thr Pro Ser Lys  Leu Leu Asp
    1550                 1555                 1560

Pro Leu  Ala Trp Asp Asn His  Tyr Gly Thr Gln Ile  Pro Lys Glu
    1565                 1570                 1575
Glu Trp  Lys Ser Gln Glu Lys  Ser Pro Glu Lys Thr  Ala Phe Lys
    1580                 1585                 1590
Lys Lys  Asp Thr Ile Leu Ser  Leu Asn Ala Cys Glu  Ser Asn His
    1595                 1600                 1605
Ala Ile  Ala Ala Ile Asn Glu  Gly Gln Asn Lys Pro  Glu Ile Glu
    1610                 1615                 1620

Val Thr  Trp Ala Lys Gln Gly  Arg Thr Glu Arg Leu  Cys Ser Gln
    1625                 1630                 1635
Asn Pro  Pro Val Leu Lys Arg  His Gln Arg Glu Ile  Thr Arg Thr
    1640                 1645                 1650
Thr Leu  Gln Ser Asp Gln Glu  Glu Ile Asp Tyr Asp  Asp Thr Ile
```

1655 1660 1665

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1670 1675 1680

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1685 1690 1695

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1700 1705 1710

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1715 1720 1725

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1730 1735 1740

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1745 1750 1755

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1760 1765 1770

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1775 1780 1785

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1790 1795 1800

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1805 1810 1815

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1820 1825 1830

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1835 1840 1845

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1850 1855 1860

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1865 1870 1875

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1880 1885 1890

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1895 1900 1905
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1910 1915 1920

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1925 1930 1935
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
1940 1945 1950
His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
1955 1960 1965
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe
1970 1975 1980

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1985 1990 1995
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
2000 2005 2010
Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
2015 2020 2025
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
2030 2035 2040

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
2045 2050 2055
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
2060 2065 2070
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
2075 2080 2085
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
2090 2095 2100

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
2105 2110 2115
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

2120 2125 2130

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

2135 2140 2145

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

2150 2155 2160

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

2165 2170 2175

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

2180 2185 2190

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

2195 2200 2205

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

2210 2215 2220

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

2225 2230 2235

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

2240 2245 2250

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

2255 2260 2265

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

2270 2275 2280

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

2285 2290 2295

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

2300 2305 2310

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

2315 2320 2325

Gln Asp Leu Tyr

2330

<210> 3

<211> 2343

<212> PRT

<213> Canus sp.

<400> 3

Met Gln Val Glu Leu Tyr Thr Cys Cys Phe Leu Cys Leu Leu Pro Phe

1 5 10 15

Ser Leu Ser Ala Thr Arg Lys Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser

20 25 30

Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Leu Ser Ala Leu His Ala Asp Thr

35 40 45

Ser Phe Ser Ser Arg Val Pro Gly Ser Leu Pro Leu Thr Thr Ser Val

50 55 60

Thr Tyr Arg Lys Thr Val Phe Val Glu Phe Thr Asp Asp Leu Phe Asn

65 70 75 80

Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile

85 90 95

Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Val Leu Lys Asn Met Ala

100 105 110

Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala

115 120 125

Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Glu Asp Gln Thr Ser Gln Lys Glu Lys Glu

130 135 140

Asp Asp Asn Val Ile Pro Gly Glu Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val

145 150 155 160

Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Pro Cys Leu Thr Tyr

165 170 175

Ser Tyr Phe Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu

180 185 190

Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Lys Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Arg

195 200 205

Thr Gln Thr Leu Gln Glu Phe Val Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu

210 215 220

Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Asn Ala Ser Leu Thr Gln Ala Glu

225 230 235 240

Ala Gln His Glu Leu His Thr Ile Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu

245 250 255

Pro Gly Leu Thr Val Cys His Lys Arg Ser Val Tyr Trp His Val Ile

260 265 270

Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His

275 280 285

Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro

290 295 300

Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Phe Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe

305 310 315 320

Leu Leu Phe Cys His Ile Pro Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala

325 330 335

Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys

340 345 350

Asn Asn Glu Asp Lys Asp Tyr Asp Asp Gly Leu Tyr Asp Ser Asp Met

355 360 365

Asp Val Val Ser Phe Asp Asp Asp Ser Ser Ser Pro Phe Ile Gln Ile

370 375 380

Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala

385 390 395 400

Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Ser Gly Pro Thr Pro Asn

405 410 415

Asp Arg Ser His Lys Asn Leu Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile

420 425 430

Gly Lys Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Val Ala Tyr Thr Asp Glu Thr

435 440 445

Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln Tyr Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro

450 455 460

Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn

465 470 475 480

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

515 520 525
Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg
530 535 540
Tyr Tyr Ser Ser Phe Ile Asn Leu Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu
545 550 555 560
Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly
565 570 575
Asn Gln Met Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe

580 585 590
Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Met Gln Arg Phe Leu
595 600 605
Pro Asn Ala Asp Val Val Gln Pro His Asp Pro Glu Phe Gln Leu Ser
610 615 620
Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Asn Leu Gln Leu
625 630 635 640
Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Val Gly

645 650 655
Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys
660 665 670
His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly
675 680 685
Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Val Leu Gly
690 695 700
Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys

705 710 715 720
Val Ser Ser Cys Asn Arg Asn Ile Asp Asp Tyr Tyr Glu Asp Thr Tyr

725 730 735

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

740 745 750

Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Lys Glu Lys Gln

755 760 765

Leu Lys Ala Thr Thr Thr Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys Ile Asp Leu

770 775 780

Gln Ser Gly Glu Arg Thr Gln Leu Ile Lys Ala Gln Ser Val Ser Ser

785 790 795 800

Ser Asp Leu Leu Met Leu Leu Gly Gln Asn Pro Thr Pro Arg Gly Leu

805 810 815

Phe Leu Ser Asp Leu Arg Glu Ala Thr Asp Arg Ala Asp Asp His Ser

820 825 830

Arg Gly Ala Ile Glu Arg Asn Lys Gly Pro Pro Glu Val Ala Ser Leu

835 840 845

Arg Pro Glu Leu Arg His Ser Glu Asp Arg Glu Phe Thr Pro Glu Pro

850 855 860

Glu Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Asn Leu Gly Thr Asn Thr Thr Val

865 870 875 880

Glu Leu Lys Lys Leu Asp Leu Lys Ile Ser Ser Ser Ser Asp Ser Leu

885 890 895

Met Thr Ser Pro Thr Ile Pro Ser Asp Lys Leu Ala Ala Ala Thr Glu

900 905 910

Lys Thr Gly Ser Leu Gly Pro Pro Asn Met Ser Val His Phe Asn Ser

915 920 925

His Leu Gly Thr Ile Val Phe Gly Asn Asn Ser Ser His Leu Ile Gln

930 935 940

Ser Gly Val Pro Leu Glu Leu Ser Glu Glu Asp Asn Asp Ser Lys Leu

945 950 955 960

Leu Glu Ala Pro Leu Met Asn Ile Gln Glu Ser Ser Leu Arg Glu Asn

965 970 975

Val Leu Ser Met Glu Ser Asn Arg Leu Phe Lys Glu Glu Arg Ile Arg

980 985 990

Gly Pro Ala Ser Leu Ile Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys Val Asn Ile

995 1000 1005

Ser Ser Val Lys Thr Asn Arg Ala Pro Val Asn Leu Thr Thr Asn

1010 1015 1020

Arg Lys Thr Arg Val Ala Ile Pro Thr Leu Leu Ile Glu Asn Ser

1025 1030 1035

Thr Ser Val Trp Gln Asp Ile Met Leu Glu Arg Asn Thr Glu Phe

1040 1045 1050

Lys Glu Val Thr Ser Leu Ile His Asn Glu Thr Phe Met Asp Arg

1055 1060 1065

Asn Thr Thr Ala Leu Gly Leu Asn His Val Ser Asn Lys Thr Thr

1070 1075 1080

Leu Ser Lys Asn Val Glu Met Ala His Gln Lys Lys Glu Asp Pro

1085 1090 1095

Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Pro Asp Leu Ser Ser Ser Lys Ile

1100 1105 1110

Pro Phe Leu Pro Asp Trp Ile Lys Thr His Gly Lys Asn Ser Leu

1115 1120 1125

Ser Ser Glu Gln Arg Pro Ser Pro Lys Gln Leu Thr Ser Leu Gly

1130 1135 1140

Ser Glu Lys Ser Val Lys Asp Gln Asn Phe Leu Ser Glu Glu Lys

1145 1150 1155

Val Val Val Gly Glu Asp Glu Phe Thr Lys Asp Thr Glu Leu Gln

1160 1165 1170

Glu Ile Phe Pro Asn Asn Lys Ser Ile Phe Phe Ala Asn Leu Ala

1175 1180 1185

Asn Val Gln Glu Asn Asp Thr Tyr Asn Gln Glu Lys Lys Ser Pro

1190 1195 1200

Glu Glu Ile Glu Arg Lys Glu Lys Leu Thr Gln Glu Asn Val Ala

1205 1210 1215

Leu Pro Gln Ala His Thr Met Ile Gly Thr Lys Asn Phe Leu Lys

1220 1225 1230

Asn Leu Phe Leu Leu Ser Thr Lys Gln Asn Val Ala Gly Leu Glu

1235 1240 1245

Glu Gln Pro Tyr Thr Pro Ile Leu Gln Asp Thr Arg Ser Leu Asn

1250 1255 1260

Asp Ser Pro His Ser Glu Gly Ile His Met Ala Asn Phe Ser Lys

1265 1270 1275

Ile Arg Glu Glu Ala Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln Thr Asn

1280 1285 1290

Gln Met Val Glu Arg Phe Pro Ser Thr Thr Arg Met Ser Ser Asn

1295 1300 1305

Ala Ser Gln His Val Ile Thr Gln Arg Gly Lys Arg Ser Leu Lys

1310 1315 1320

Gln Pro Arg Leu Ser Gln Gly Glu Ile Lys Phe Glu Arg Lys Val

1325 1330 1335

Ile Ala Asn Asp Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn Met Asn Tyr

1340 1345 1350

Leu Ala Gln Gly Thr Leu Thr Gln Ile Glu Tyr Asn Glu Lys Glu

1355 1360 1365

Lys Arg Ala Ile Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys Ser Met Arg

1370 1375 1380

Asn His Val Thr Ile Gln Met Asn Asp Ser Ala Leu Pro Val Ala

1385 1390 1395

Lys Glu Ser Ala Ser Pro Ser Val Arg His Thr Asp Leu Thr Lys

1400 1405 1410

Ile Pro Ser Gln His Asn Ser Ser His Leu Pro Ala Ser Ala Cys

1415 1420 1425

Asn Tyr Thr Phe Arg Glu Arg Thr Ser Gly Val Gln Glu Gly Ser

1430 1435 1440

His Phe Leu Gln Glu Ala Lys Arg Asn Asn Leu Ser Leu Ala Phe

1445 1450 1455

Val Thr Leu Gly Ile Thr Glu Gly Gln Gly Lys Phe Ser Ser Leu

1460 1465 1470

Gly Lys Ser Ala Thr Asn Gln Pro Met Tyr Lys Lys Leu Glu Asn

1475 1480 1485

Thr Val Leu Leu Gln Pro Gly Leu Ser Glu Thr Ser Asp Lys Val

1490 1495 1500

Glu Leu Leu Ser Gln Val His Val Asp Gln Glu Asp Ser Phe Pro

1505 1510 1515

Thr Lys Thr Ser Asn Asp Ser Pro Gly His Leu Asp Leu Met Gly

1520 1525 1530

Lys Ile Phe Leu Gln Lys Thr Gln Gly Pro Val Lys Met Asn Lys

1535 1540 1545

Thr Asn Ser Pro Gly Lys Val Pro Phe Leu Lys Trp Ala Thr Glu

1550 1555 1560

Ser Ser Glu Lys Ile Pro Ser Lys Leu Leu Gly Val Leu Ala Trp

1565 1570 1575

Asp Asn His Tyr Asp Thr Gln Ile Pro Ser Glu Glu Trp Lys Ser

1580 1585 1590

Gln Lys Lys Ser Gln Thr Asn Thr Ala Phe Lys Arg Lys Asp Thr

1595 1600 1605

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

1610 1615 1620

Ile Asn Glu Gly Gln Asp Lys Pro Gln Arg Glu Ala Met Trp Ala

1625 1630 1635

Lys Gln Gly Glu Pro Gly Arg Leu Cys Ser Gln Asn Pro Pro Val

1640 1645 1650

Ser Lys His His Gln Arg Glu Ile Thr Val Thr Thr Leu Gln Pro

1655 1660 1665

Glu Glu Asp Lys Phe Glu Tyr Asp Asp Thr Phe Ser Ile Glu Met

1670 1675 1680

Lys Arg Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Gly Asp Tyr Glu Asn Gln Gly

1685 1690 1695

Leu Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala

1700 1705 1710

Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Arg Ser Pro His Ile

1715 1720 1725

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Asp Val Gln Gln Phe Lys Lys

1730 1735 1740

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

1745 1750 1755

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr

1760 1765 1770

Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Val Val Thr Phe Lys Asn

1775 1780 1785

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr

1790 1795 1800

Asp Glu Asp Glu Gly Gln Gly Ala Glu Pro Arg Arg Lys Phe Val

1805 1810 1815

Asn Pro Asn Glu Thr Lys Ile Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

1820 1825 1830

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr

1835 1840 1845

Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile

1850 1855 1860

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Arg Ser Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

1865 1870 1875

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

1880 1885 1890

Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Leu Glu Arg

1895 1900 1905

Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Val Gln Lys Glu Asp Pro Thr Leu
1910 1915 1920
Lys Glu Asn Phe Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Val Lys Asp

1925 1930 1935
Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Lys Val Arg Trp
1940 1945 1950
Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His
1955 1960 1965
Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys
1970 1975 1980
Met Ala Val Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu

1985 1990 1995
Met Leu Pro Ser Gln Val Gly Ile Trp Arg Ile Glu Cys Leu Ile
2000 2005 2010
Gly Glu His Leu Gln Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr
2015 2020 2025
Ser Lys Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile
2030 2035 2040
Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala

2045 2050 2055
Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp
2060 2065 2070
Ser Thr Lys Asp Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala
2075 2080 2085
Pro Met Ile Ile His Gly Ile Met Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys
2090 2095 2100
Phe Ser Ser Leu Tyr Val Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu

2105 2110 2115
Asp Gly Asn Lys Trp His Ser Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr
2120 2125 2130
Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His

2135 2140 2145

Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Gln Tyr Ile Arg Leu His

2150 2155 2160

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Leu

2165 2170 2175

Gly Cys Asp Phe Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser

2180 2185 2190

Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Leu Ser

2195 2200 2205

Ser Met Leu Ala Thr Trp Ser Pro Ser Gln Ala Arg Leu His Leu

2210 2215 2220

Gln Gly Arg Thr Asn Ala Trp Arg Pro Gln Ala Asn Asn Pro Lys

2225 2230 2235

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Arg Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

2240 2245 2250

Ile Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Ile Ser Met Tyr Val

2255 2260 2265

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Asn Trp Thr

2270 2275 2280

Leu Phe Leu Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Arg

2285 2290 2295

Asp Ser Ser Thr Pro Val Arg Asn Arg Leu Glu Pro Pro Leu Val

2300 2305 2310

Ala Arg Tyr Val Arg Leu His Pro Gln Ser Trp Ala His His Ile

2315 2320 2325

Ala Leu Arg Leu Glu Val Leu Gly Cys Asp Thr Gln Gln Pro Ala

2330 2335 2340

<210> 4

<211> 2332

<212> PRT

<213> Sus sp.

<400

> 4

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

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190

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

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

```
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg
```

740 745 750

Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys

755 760 765

Thr Asp Pro Trp Phe Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn

770 775 780

Val Ser Ser Ser Asp Leu Leu Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro

785 790 795 800

His Gly Leu Ser Leu Ser Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe

805 810 815

Ser Asp Asp Pro Ser Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser

820 825 830

Glu Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val

835 840 845

Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu Gly

850 855 860

Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val Ser Ser

865 870 875 880

Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn Leu Ala Ala

885 890 895

Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser Met Pro Val His

900 905 910

Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys Ser Ser Pro

915 920 925

Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu Asn Asn Asp

930 935 940

Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp

945 950 955 960

Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly Lys

965 970 975

Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys

980 985 990

```
Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr  Asn Lys Thr Ser Asn  Asn Ser Ala
        995                 1000                1005
Thr Asn  Arg Lys Thr His Ile  Asp Gly Pro Ser Leu  Leu Ile Glu
    1010                1015                1020

Asn Ser  Pro Ser Val Trp Gln  Asn Ile Leu Glu Ser  Asp Thr Glu
    1025                1030                1035
Phe Lys  Lys Val Thr Pro Leu  Ile His Asp Arg Met  Leu Met Asp
    1040                1045                1050
Lys Asn  Ala Thr Ala Leu Arg  Leu Asn His Met Ser  Asn Lys Thr
    1055                1060                1065
Thr Ser  Ser Lys Asn Met Glu  Met Val Gln Gln Lys  Lys Glu Gly
    1070                1075                1080

Pro Ile  Pro Pro Asp Ala Gln  Asn Pro Asp Met Ser  Phe Phe Lys
    1085                1090                1095
Met Leu  Phe Leu Pro Glu Ser  Ala Arg Trp Ile Gln  Arg Thr His
    1100                1105                1110
Gly Lys  Asn Ser Leu Asn Ser  Gly Gln Gly Pro Ser  Pro Lys Gln
    1115                1120                1125
Leu Val  Ser Leu Gly Pro Glu  Lys Ser Val Glu Gly  Gln Asn Phe
    1130                1135                1140

Leu Ser  Glu Lys Asn Lys Val  Val Val Gly Lys Gly  Glu Phe Thr
    1145                1150                1155
Lys Asp  Val Gly Leu Lys Glu  Met Val Phe Pro Ser  Ser Arg Asn
    1160                1165                1170
Leu Phe  Leu Thr Asn Leu Asp  Asn Leu His Glu Asn  Asn Thr His
    1175                1180                1185
Asn Gln  Glu Lys Lys Ile Gln  Glu Glu Ile Glu Lys  Lys Glu Thr
    1190                1195                1200

Leu Ile  Gln Glu Asn Val Val  Leu Pro Gln Ile His  Thr Val Thr
    1205                1210                1215
Gly Thr  Lys Asn Phe Met Lys  Asn Leu Phe Leu Leu  Ser Thr Arg
```

1220 1225 1230

Gln Asn Val Glu Gly Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu

1235 1240 1245

Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys

1250 1255 1260

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

1265 1270 1275

Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys

1280 1285 1290

Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr

1295 1300 1305

Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu

1310 1315 1320

Glu Thr Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr

1325 1330 1335

Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr

1340 1345 1350

Gln Ile Asp Tyr Asn Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser

1355 1360 1365

Pro Leu Ser Asp Cys Leu Thr Arg Ser His Ser Ile Pro Gln Ala

1370 1375 1380

Asn Arg Ser Pro Leu Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser

1385 1390 1395

Ile Arg Pro Ile Tyr Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser

1400 1405 1410

Ser His Leu Pro Ala Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val

1415 1420 1425

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

1430 1435 1440

Ser Leu Ala Ile Leu Thr Leu Glu Met Thr Gly Asp Gln Arg Glu

1445 1450 1455

```
Val Gly  Ser Leu Gly Thr Ser  Ala Thr Asn Ser Val  Thr Tyr Lys
    1460                 1465                 1470
Lys Val  Glu Asn Thr Val Leu  Pro Lys Pro Asp Leu  Pro Lys Thr
    1475                 1480                 1485
Ser Gly  Lys Val Glu Leu Leu  Pro Lys Val His Ile  Tyr Gln Lys
    1490                 1495                 1500

Asp Leu  Phe Pro Thr Glu Thr  Ser Asn Gly Ser Pro  Gly His Leu
    1505                 1510                 1515
Asp Leu  Val Glu Gly Ser Leu  Leu Gln Gly Thr Glu  Gly Ala Ile
    1520                 1525                 1530
Lys Trp  Asn Glu Ala Asn Arg  Pro Gly Lys Val Pro  Phe Leu Arg
    1535                 1540                 1545
Val Ala  Thr Glu Ser Ser Ala  Lys Thr Pro Ser Lys  Leu Leu Asp
    1550                 1555                 1560

Pro Leu  Ala Trp Asp Asn His  Tyr Gly Thr Gln Ile  Pro Lys Glu
    1565                 1570                 1575
Glu Trp  Lys Ser Gln Glu Lys  Ser Pro Glu Lys Thr  Ala Phe Lys
    1580                 1585                 1590
Lys Lys  Asp Thr Ile Leu Ser  Leu Asn Ala Cys Glu  Ser Asn His
    1595                 1600                 1605
Ala Ile  Ala Ala Ile Asn Glu  Gly Gln Asn Lys Pro  Glu Ile Glu
    1610                 1615                 1620

Val Thr  Trp Ala Lys Gln Gly  Arg Thr Glu Arg Leu  Cys Ser Gln
    1625                 1630                 1635
Asn Pro  Pro Val Leu Lys Arg  His Gln Arg Glu Ile  Thr Arg Thr
    1640                 1645                 1650
Thr Leu  Gln Ser Asp Gln Glu  Glu Ile Asp Tyr Asp  Asp Thr Ile
    1655                 1660                 1665
Ser Val  Glu Met Lys Lys Glu  Asp Phe Asp Ile Tyr  Asp Glu Asp
    1670                 1675                 1680

Glu Asn  Gln Ser Pro Arg Ser  Phe Gln Lys Lys Thr  Arg His Tyr
```

1685 1690 1695

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1700 1705 1710

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1715 1720 1725

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1730 1735 1740

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1745 1750 1755

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1760 1765 1770

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1775 1780 1785

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1790 1795 1800

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1805 1810 1815

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1820 1825 1830

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1835 1840 1845

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1850 1855 1860

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1865 1870 1875

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1880 1885 1890

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1895 1900 1905

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1910 1915 1920

```
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1925                1930                1935
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1940                1945                1950
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1955                1960                1965
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1970                1975                1980

Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1985                1990                1995
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    2000                2005                2010
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    2015                2020                2025
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    2030                2035                2040

Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    2045                2050                2055
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    2060                2065                2070
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    2075                2080                2085
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    2090                2095                2100

Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    2105                2110                2115
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    2120                2125                2130
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
    2135                2140                2145
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
```

2150 2155 2160

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
2165 2170 2175
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
2180 2185 2190
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
2195 2200 2205
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
2210 2215 2220

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
2225 2230 2235
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
2240 2245 2250
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
2255 2260 2265
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
2270 2275 2280

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
2285 2290 2295
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
2300 2305 2310
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
2315 2320 2325
Gln Asp Leu Tyr
2330

<210> 5
<211> 2300
<212> PRT
<213> Mus sp.
<400> 5
Ala Ile Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asn Tyr

1 5 10 15

Ile Gln Ser Asp Leu Leu Ser Val Leu His Thr Asp Ser Arg Phe Leu

20 25 30

Pro Arg Met Ser Thr Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Ile Met Tyr Lys

35 40 45

Lys Thr Val Phe Val Glu Tyr Lys Asp Gln Leu Phe Asn Ile Ala Lys

50 55 60

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Trp Thr Glu

65 70 75 80

Val His Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

85 90 95

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly

100 105 110

Asp Glu Tyr Glu Asp Gln Thr Ser Gln Met Glu Lys Glu Asp Asp Lys

115 120 125

Val Phe Pro Gly Glu Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu

130 135 140

Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Pro Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Met

145 150 155 160

Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala

165 170 175

Leu Leu Val Cys Lys Glu Gly Ser Leu Ser Lys Glu Arg Thr Gln Met

180 185 190

Leu Tyr Gln Phe Val Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser

195 200 205

Trp His Ser Glu Thr Asn Asp Ser Tyr Thr Gln Ser Met Asp Ser Ala

210 215 220

Ser Ala Arg Asp Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn

225 230 235 240

Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp

245 250 255

His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Ile His Ser Ile Phe Leu

260 265 270

Glu Gly His Thr Phe Phe Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu

275 280 285

Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Ile Asp Leu

290 295 300

Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Lys His Asp Gly

305 310 315 320

Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Ser Gln Trp

325 330 335

Gln Lys Lys Asn Asn Asn Glu Glu Met Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu

340 345 350

Tyr Ser Glu Met Asp Met Phe Thr Leu Asp Tyr Asp Ser Ser Pro Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys Tyr Pro Lys Thr Trp Ile His

370 375 380

Tyr Ile Ser Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Ser Val Pro

385 390 395 400

Thr Ser Asp Asn Gly Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Ser Asn Gly Pro

405 410 415

His Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Ile Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Thr Ile Gln His Glu Ser Gly Leu

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Ser Pro Leu His Ala Arg Arg Leu Pro Arg Gly Ile Lys

485 490 495

His Val Lys Asp Leu Pro Ile His Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

```
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Ile Asn Pro Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Met Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Ile Phe Asp Glu Asn Gln Ser Trp Tyr Ile Thr Glu Asn Met Gln

            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Ala Ala Lys Thr Gln Pro Gln Asp Pro Gly Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Glu Leu Thr Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp His Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Val Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Ile Phe Phe Ser Gly Tyr

                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Val Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Lys Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Ser Thr Ser Asp Tyr Tyr Glu

705                 710                 715                 720
Glu Ile Tyr Glu Asp Ile Pro Thr Gln Leu Val Asn Glu Asn Asn Val
                725                 730                 735
Ile Asp Pro Arg Ser Phe Phe Gln Asn Thr Asn His Pro Asn Thr Arg
            740                 745                 750
```

Lys Lys Lys Phe Lys Asp Ser Thr Ile Pro Lys Asn Asp Met Glu Lys
755 760 765
Ile Glu Pro Gln Phe Glu Glu Ile Ala Glu Met Leu Lys Val Gln Ser

770 775 780
Val Ser Val Ser Asp Met Leu Met Leu Leu Gly Gln Ser His Pro Thr
785 790 795 800
Pro His Gly Leu Phe Leu Ser Asp Gly Gln Glu Ala Ile Tyr Glu Ala
805 810 815
Ile His Asp Asp His Ser Pro Asn Ala Ile Asp Ser Asn Glu Gly Pro
820 825 830
Ser Lys Val Thr Gln Leu Arg Pro Glu Ser His His Ser Glu Lys Ile

835 840 845
Val Phe Thr Pro Gln Pro Gly Leu Gln Leu Arg Ser Asn Lys Ser Leu
850 855 860
Glu Thr Thr Ile Glu Val Lys Trp Lys Lys Leu Gly Leu Gln Val Ser
865 870 875 880
Ser Leu Pro Ser Asn Leu Met Thr Thr Thr Ile Leu Ser Asp Asn Leu
885 890 895
Lys Ala Thr Phe Glu Lys Thr Asp Ser Ser Gly Phe Pro Asp Met Pro

900 905 910
Val His Ser Ser Ser Lys Leu Ser Thr Thr Ala Phe Gly Lys Lys Ala
915 920 925
Tyr Ser Leu Val Gly Ser His Val Pro Leu Asn Ala Ser Glu Glu Asn
930 935 940
Ser Asp Ser Asn Ile Leu Asp Ser Thr Leu Met Tyr Ser Gln Glu Ser
945 950 955 960
Leu Pro Arg Asp Asn Ile Leu Ser Ile Glu Asn Asp Arg Leu Leu Arg

965 970 975
Glu Lys Arg Phe His Gly Ile Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Thr Leu
980 985 990
Phe Lys Asp Asn Val Ser Leu Met Lys Thr Asn Lys Thr Tyr Asn His

995 1000 1005

Ser Thr Thr Asn Glu Lys Leu His Thr Glu Ser Pro Thr Ser Ile

1010 1015 1020

Glu Asn Ser Thr Thr Asp Leu Gln Asp Ala Ile Leu Lys Val Asn

1025 1030 1035

Ser Glu Ile Gln Glu Val Thr Ala Leu Ile His Asp Gly Thr Leu

1040 1045 1050

Leu Gly Lys Asn Ser Thr Tyr Leu Arg Leu Asn His Met Leu Asn

1055 1060 1065

Arg Thr Thr Ser Thr Lys Asn Lys Asp Ile Phe His Arg Lys Asp

1070 1075 1080

Glu Asp Pro Ile Pro Gln Asp Glu Glu Asn Thr Ile Met Pro Phe

1085 1090 1095

Ser Lys Met Leu Phe Leu Ser Glu Ser Ser Asn Trp Phe Lys Lys

1100 1105 1110

Thr Asn Gly Asn Asn Ser Leu Asn Ser Glu Gln Glu His Ser Pro

1115 1120 1125

Lys Gln Leu Val Tyr Leu Met Phe Lys Lys Tyr Val Lys Asn Gln

1130 1135 1140

Ser Phe Leu Ser Glu Lys Asn Lys Val Thr Val Glu Gln Asp Gly

1145 1150 1155

Phe Thr Lys Asn Ile Gly Leu Lys Asp Met Ala Phe Pro His Asn

1160 1165 1170

Met Ser Ile Phe Leu Thr Thr Leu Ser Asn Val His Glu Asn Gly

1175 1180 1185

Arg His Asn Gln Glu Lys Asn Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys Glu

1190 1195 1200

Ala Leu Ile Glu Glu Lys Val Val Leu Pro Gln Val His Glu Ala

1205 1210 1215

Thr Gly Ser Lys Asn Phe Leu Lys Asp Ile Leu Ile Leu Gly Thr

1220 1225 1230

Arg Gln Asn Ile Ser Leu Tyr Glu Val His Val Pro Val Leu Gln

1235 1240 1245

Asn Ile Thr Ser Ile Asn Asn Ser Thr Asn Thr Val Gln Ile His

1250 1255 1260

Met Glu His Phe Phe Lys Arg Arg Lys Asp Lys Glu Thr Asn Ser

1265 1270 1275

Glu Gly Leu Val Asn Lys Thr Arg Glu Met Val Lys Asn Tyr Pro

1280 1285 1290

Ser Gln Lys Asn Ile Thr Thr Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Gly

1295 1300 1305

Gln Phe Arg Leu Ser Thr Gln Trp Leu Lys Thr Ile Asn Cys Ser

1310 1315 1320

Thr Gln Cys Ile Ile Lys Gln Ile Asp His Ser Lys Glu Met Lys

1325 1330 1335

Lys Phe Ile Thr Lys Ser Ser Leu Ser Asp Ser Ser Val Ile Lys

1340 1345 1350

Ser Thr Thr Gln Thr Asn Ser Ser Asp Ser His Ile Val Lys Thr

1355 1360 1365

Ser Ala Phe Pro Pro Ile Asp Leu Lys Arg Ser Pro Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Lys Phe Ser His Val Gln Ala Ser Ser Tyr Ile Tyr Asp Phe Lys

1385 1390 1395

Thr Lys Ser Ser Arg Ile Gln Glu Ser Asn Asn Phe Leu Lys Glu

1400 1405 1410

Thr Lys Ile Asn Asn Pro Ser Leu Ala Ile Leu Pro Trp Asn Met

1415 1420 1425

Phe Ile Asp Gln Gly Lys Phe Thr Ser Pro Gly Lys Ser Asn Thr

1430 1435 1440

Asn Ser Val Thr Tyr Lys Lys Arg Glu Asn Ile Ile Phe Leu Lys

1445 1450 1455

Pro Thr Leu Pro Glu Glu Ser Gly Lys Ile Glu Leu Leu Pro Gln

1460 1465 1470

Val Ser Ile Gln Glu Glu Glu Ile Leu Pro Thr Glu Thr Ser His

1475 1480 1485

Gly Ser Pro Gly His Leu Asn Leu Met Lys Glu Val Phe Leu Gln

1490 1495 1500

Lys Ile Gln Gly Pro Thr Lys Trp Asn Lys Ala Lys Arg His Gly

1505 1510 1515

Glu Ser Ile Lys Gly Lys Thr Glu Ser Ser Lys Asn Thr Arg Ser

1520 1525 1530

Lys Leu Leu Asn His His Ala Trp Asp Tyr His Tyr Ala Ala Gln

1535 1540 1545

Ile Pro Lys Asp Met Trp Lys Ser Lys Glu Lys Ser Pro Glu Ile

1550 1555 1560

Ile Ser Ile Lys Gln Glu Asp Thr Ile Leu Ser Leu Arg Pro His

1565 1570 1575

Gly Asn Ser His Ser Ile Gly Ala Asn Glu Lys Gln Asn Trp Pro

1580 1585 1590

Gln Arg Glu Thr Thr Trp Val Lys Gln Gly Gln Thr Gln Arg Thr

1595 1600 1605

Cys Ser Gln Ile Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Leu

1610 1615 1620

Ser Ala Phe Gln Ser Glu Gln Glu Ala Thr Asp Tyr Asp Asp Ala

1625 1630 1635

Ile Thr Ile Glu Thr Ile Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Ser Glu Asp

1640 1645 1650

Ile Lys Gln Gly Pro Arg Ser Phe Gln Gln Lys Thr Arg His Tyr

1655 1660 1665

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Thr

1670 1675 1680

Ser His Val Leu Arg Asn Arg Tyr Gln Ser Asp Asn Val Pro Gln

1685 1690 1695

Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Ser

1700 1705 1710

Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu

1715 1720 1725

Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

1730 1735 1740

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu

1745 1750 1755

Ile Ser Tyr Lys Glu Asp Gln Arg Gly Glu Glu Pro Arg Arg Asn

1760 1765 1770

Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Ile Tyr Phe Trp Lys Val Gln

1775 1780 1785

His His Met Ala Pro Thr Glu Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp

1790 1795 1800

Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Arg Asp Met His Ser Gly

1805 1810 1815

Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys His Ala Asn Thr Leu Asn Pro

1820 1825 1830

Ala His Gly Arg Gln Val Ser Val Gln Glu Phe Ala Leu Leu Phe

1835 1840 1845

Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Val

1850 1855 1860

Lys Arg Asn Cys Lys Thr Pro Cys Asn Phe Gln Met Glu Asp Pro

1865 1870 1875

Thr Leu Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Val

1880 1885 1890

Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile

1895 1900 1905

Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Asn Asn Glu Asn Ile Gln Ser

1910 1915 1920

Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu

1925 1930 1935

Tyr Lys Met Ala Val Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr

1940 1945 1950

Leu Glu Met Ile Pro Ser Arg Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys

1955 1960 1965

Leu Ile Gly Glu His Leu Gln Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu

1970 1975 1980

Val Tyr Ser Lys Gln Cys Gln Ile Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly His Tyr Gly Gln

2000 2005 2010

Trp Ala Pro Asn Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn

2015 2020 2025

Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu

2030 2035 2040

Leu Ala Pro Met Ile Val His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg

2045 2050 2055

Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr

2060 2065 2070

Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Leu Ser Tyr Gln Gly Asn Ser Thr

2075 2080 2085

Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile

2090 2095 2100

Lys His Asn Ser Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg

2105 2110 2115

Leu His Pro Thr His Ser Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu

2120 2125 2130

Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Ile Pro Leu Gly Met

2135 2140 2145

Glu Ser Lys Val Ile Ser Asp Thr Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr

2150 2155 2160

Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Gln Ala Arg Leu

2165 2170 2175

His Leu Gln Gly Arg Thr Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asp

2180 2185 2190

Pro Lys Gln Trp Leu Gln Val Asp Leu Gln Lys Thr Met Lys Val

2195 2200 2205

Thr Gly Ile Ile Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Phe Thr Ser Met

2210 2215 2220

Phe Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His His

2225 2230 2235

Trp Thr Gln Ile Leu Tyr Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly

2240 2245 2250

Asn Gln Asp Ser Ser Thr Pro Met Met Asn Ser Leu Asp Pro Pro

2255 2260 2265

Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ile Trp Glu His

2270 2275 2280

Gln Ile Ala Leu Arg Leu Glu Ile Leu Gly Cys Glu Ala Gln Gln

2285 2290 2295

Gln Tyr

2300

<210> 6

<211> 1457

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 6

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser

20 25 30

Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg

35 40 45

Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val

50 55 60

Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile

65 70 75 80

Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln

85 90 95

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

100 105 110

His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser

115 120 125

Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp

130 135 140

Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu

145 150 155 160

Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser

165 170 175

Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile

180 185 190

Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr

195 200 205

Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly

210 215 220

Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp

225 230 235 240

Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr

245 250 255

Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val

260 265 270

Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile

275 280 285

Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser

290 295 300

Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met

305 310 315 320

Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His

325 330 335

Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro

340 345 350

Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp

355 360 365

Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser

370 375 380

Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr

385 390 395 400

Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro

405 410 415

Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

420 425 430

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met

435 440 445

Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu

450 455 460

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu

465 470 475 480

Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro

485 490 495

His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys

500 505 510

Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe

515 520 525

Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp
530 535 540
Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg

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

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

675 680 685
Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro
690 695 700
Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly
705 710 715 720
Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp
725 730 735
Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys

740 745 750
Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu
755 760 765
Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln

770 775 780

Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu

785 790 795 800

Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe

805 810 815

Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

820 825 830

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln

835 840 845

Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr

850 855 860

Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His

865 870 875 880

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile

885 890 895

Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser

900 905 910

Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

915 920 925

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val

930 935 940

Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp

945 950 955 960

Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu

965 970 975

Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

980 985 990

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

995 1000 1005

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

1010 1015 1020

```
Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu Asp Pro  Thr Phe Lys
    1025                1030                1035
Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly Tyr Ile  Met Asp Thr
    1040                1045                1050
Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln Arg Ile  Arg Trp Tyr

    1055                1060                1065
Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile His Ser  Ile His Phe
    1070                1075                1080
Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys Glu Glu  Tyr Lys Met
    1085                1090                1095
Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe Glu Thr  Val Glu Met
    1100                1105                1110
Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val Glu Cys  Leu Ile Gly

    1115                1120                1125
Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu Phe Leu  Val Tyr Ser
    1130                1135                1140
Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala Ser Gly  His Ile Arg
    1145                1150                1155
Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr Gly Gln  Trp Ala Pro
    1160                1165                1170
Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser Ile Asn  Ala Trp Ser

    1175                1180                1185
Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val Asp Leu  Leu Ala Pro
    1190                1195                1200
Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly Ala Arg  Gln Lys Phe
    1205                1210                1215
Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile Met Tyr  Ser Leu Asp
    1220                1225                1230
Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn Ser Thr  Gly Thr Leu

    1235                1240                1245
Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser Gly Ile  Lys His Asn
```

1250 1255 1260

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

1265 1270 1275

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

1280 1285 1290

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

1295 1300 1305

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

1310 1315 1320

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

1325 1330 1335

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

1340 1345 1350

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

1355 1360 1365

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

1370 1375 1380

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

1385 1390 1395

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

1400 1405 1410

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

1415 1420 1425

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

1430 1435 1440

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1445 1450 1455

<210> 7

<211> 1438

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 7

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

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

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

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

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

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

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

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

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1430 1435

<210> 8

<211> 1438

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 8

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Gly Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1430 1435
<210> 9
<211> 1391
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 9
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

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

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

165 170 175

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

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

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

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

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys

740 745 750

Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr

755 760 765

Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

770 775 780

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly

785 790 795 800

Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly

805 810 815

Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

820 825 830

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu

835 840 845

Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn

850 855 860

Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His

865 870 875 880

His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr

885 890 895

Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

900 905 910

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
915 920 925
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu
930 935 940

Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala
945 950 955 960
Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
965 970 975
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val
980 985 990
Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser
995 1000 1005

Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr
1010 1015 1020
Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr
1025 1030 1035
Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly
1040 1045 1050
Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly
1055 1060 1065

Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro
1070 1075 1080
Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala
1085 1090 1095
Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His
1100 1105 1110
Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser
1115 1120 1125

Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile
1130 1135 1140
Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser

1145 1150 1155

Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr

1160 1165 1170

Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn

1175 1180 1185

Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile

1190 1195 1200

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg

1205 1210 1215

Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys

1220 1225 1230

Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln

1235 1240 1245

Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser

1250 1255 1260

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp

1265 1270 1275

Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe

1280 1285 1290

Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys

1295 1300 1305

Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser

1310 1315 1320

Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys

1325 1330 1335

Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val

1340 1345 1350

Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His

1355 1360 1365

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

1370 1375 1380

Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1385 1390

<210> 10

<211> 1360

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 10

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

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

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

145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

705 710 715 720

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp

725 730 735

Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser

740 745 750

Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp

755 760 765

Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu

770 775 780

Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met

785 790 795 800

Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

805 810 815

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys

820 825 830

Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln

835 840 845

His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala

850 855 860

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

865 870 875 880

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

885 890 895

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

900 905 910

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg

915 920 925

Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr

930 935 940

Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

945 950 955 960

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly

965 970 975

Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr

980 985 990

Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

995 1000 1005

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1010 1015 1020

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1025 1030 1035

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1040 1045 1050

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1055 1060 1065

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1070 1075 1080

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1085 1090 1095

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1100 1105 1110

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1115 1120 1125

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1130 1135 1140

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1145 1150 1155

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1160 1165 1170

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1175 1180 1185

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1190 1195 1200

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1205 1210 1215

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1220 1225 1230

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1235 1240 1245

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1250 1255 1260

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1265 1270 1275

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1280 1285 1290

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1295 1300 1305

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1310 1315 1320

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1325 1330 1335

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

1340 1345 1350

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1355 1360

<210> 11

<211> 1436

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 11

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
```

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

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

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

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

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg
740 745 750

Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys
755 760 765

Thr Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr
770 775 780

Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg
785 790 795 800

His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser
805 810 815

Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
820 825 830

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr
835 840 845

Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly
850 855 860

Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg
865 870 875 880

Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr
885 890 895

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys
900 905 910

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
915 920 925

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp
930 935 940

Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu
945 950 955 960

Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
965 970 975

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser
980 985 990

Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn
995 1000 1005

Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His
1010 1015 1020

Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met
1025 1030 1035

Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser
1040 1045 1050

Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr
1055 1060 1065

Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr
1070 1075 1080

Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly
1085 1090 1095

Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly
1100 1105 1110

Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro
1115 1120 1125

Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala
1130 1135 1140

Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His
1145 1150 1155

Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser
1160 1165 1170

Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile
1175 1180 1185

Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser
1190 1195 1200

Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr

1205 1210 1215

Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn

1220 1225 1230

Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile

1235 1240 1245

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg

1250 1255 1260

Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys

1265 1270 1275

Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln

1280 1285 1290

Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser

1295 1300 1305

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp

1310 1315 1320

Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe

1325 1330 1335

Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys

1340 1345 1350

Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser

1355 1360 1365

Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys

1370 1375 1380

Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val

1385 1390 1395

Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His

1400 1405 1410

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

1415 1420 1425

Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1430 1435

<210> 12

<211> 1390

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 12

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

```
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
    450                 455                 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465                 470                 475                 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
```

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

740 745 750

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

755 760 765

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

770 775 780

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

785 790 795 800

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

805 810 815

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

820 825 830

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

835 840 845

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

850 855 860

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

865 870 875 880

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

885 890 895

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

900 905 910

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

915 920 925

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

930 935 940

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
945 950 955 960
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe
965 970 975
His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met

980 985 990
Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
995 1000 1005
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1010 1015 1020
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1025 1030 1035
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1040 1045 1050
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1055 1060 1065
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1070 1075 1080
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1085 1090 1095
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1100 1105 1110
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1115 1120 1125
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1130 1135 1140
Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1145 1150 1155
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1160 1165 1170
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1175 1180 1185

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1190 1195 1200

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1205 1210 1215

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1220 1225 1230

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1235 1240 1245

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1250 1255 1260

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1265 1270 1275

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1280 1285 1290

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1295 1300 1305

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1310 1315 1320

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1325 1330 1335

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1340 1345 1350

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1355 1360 1365

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

1370 1375 1380

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1385 1390

<210> 13

<211> 1457

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 13

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15

Cys Phe Ser Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser
20 25 30

Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg
35 40 45

Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val
50 55 60

Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile
65 70 75 80

Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln
85 90 95

Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser
100 105 110

His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser
115 120 125

Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp
130 135 140

Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu
145 150 155 160

Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser
165 170 175

Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile
180 185 190

Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr
195 200 205

Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly

210 215 220

Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp
225 230 235 240
Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr
245 250 255

Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val
260 265 270
Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile
275 280 285
Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser
290 295 300
Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met
305 310 315 320

Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His
325 330 335
Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro
340 345 350
Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp
355 360 365
Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser
370 375 380

Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr
385 390 395 400
Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro
405 410 415
Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn
420 425 430
Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met
435 440 445

Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu
450 455 460

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu
465 470 475 480
Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro
485 490 495
His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys
500 505 510

Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe
515 520 525
Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp
530 535 540
Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg
545 550 555 560
Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu
565 570 575

Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val
580 585 590
Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu
595 600 605
Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp
610 615 620
Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val
625 630 635 640

Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp
645 650 655
Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe
660 665 670
Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr
675 680 685
Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro
690 695 700

Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly

705 710 715 720

Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp

725 730 735

Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys

740 745 750

Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu

755 760 765

Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln

770 775 780

Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu

785 790 795 800

Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe

805 810 815

Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

820 825 830

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln

835 840 845

Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr

850 855 860

Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His

865 870 875 880

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile

885 890 895

Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser

900 905 910

Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

915 920 925

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val

930 935 940

Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp

945 950 955 960

Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu
965 970 975
Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His
980 985 990
Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe
995 1000 1005
Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn
1010 1015 1020

Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys
1025 1030 1035
Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr
1040 1045 1050
Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr
1055 1060 1065
Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe
1070 1075 1080

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met
1085 1090 1095
Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met
1100 1105 1110
Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly
1115 1120 1125
Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser
1130 1135 1140

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg
1145 1150 1155
Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro
1160 1165 1170
Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser
1175 1180 1185
Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro

1190 1195 1200

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe
1205 1210 1215
Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp
1220 1225 1230
Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu
1235 1240 1245
Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn
1250 1255 1260

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro
1265 1270 1275
Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly
1280 1285 1290
Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys
1295 1300 1305
Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn
1310 1315 1320

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln
1325 1330 1335
Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu
1340 1345 1350
Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val
1355 1360 1365
Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys
1370 1375 1380

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu
1385 1390 1395
Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp
1400 1405 1410
Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr
1415 1420 1425

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala
1430 1435 1440

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1445 1450 1455

<210> 14

<211> 1438

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 14

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285

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

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

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

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

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

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

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

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

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

```
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1145                1150                1155
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1160                1165                1170

Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1175                1180                1185
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1190                1195                1200
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1205                1210                1215
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1220                1225                1230

Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1235                1240                1245
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1250                1255                1260
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                1270                1275
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                1285                1290

Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1295                1300                1305
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                1315                1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1325                1330                1335
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1340                1345                1350

Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1355                1360                1365
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
```

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

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

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1430 1435

<210> 15

<211> 1438

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 15

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

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

850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

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

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

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

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

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

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

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

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1430 1435

<210> 16

<211> 1441

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 16

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

1 5 10 15

Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg

20 25 30

Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val

35 40 45

Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile

50 55 60

Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln

65 70 75 80

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

85 90 95

```
His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser
            100                 105                 110
Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp
        115                 120                 125
Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu
    130                 135                 140

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

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

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

Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp
```

340 345 350

Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser

355 360 365

Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr

370 375 380

Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro

385 390 395 400

Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

405 410 415

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met

420 425 430

Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu

435 440 445

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu

450 455 460

Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro

465 470 475 480

His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys

485 490 495

Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe

500 505 510

Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp

515 520 525

Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg

530 535 540

Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu

545 550 555 560

Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val

565 570 575

Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu

580 585 590

Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp
595 600 605

Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val
610 615 620

Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp
625 630 635 640

Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe
645 650 655

Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr
660 665 670

Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro
675 680 685

Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly
690 695 700

Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp
705 710 715 720

Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys
725 730 735

Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu
740 745 750

Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln
755 760 765

Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu
770 775 780

Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe
785 790 795 800

Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
805 810 815

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln
820 825 830

Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr

835 840 845

Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His
850 855 860
Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile
865 870 875 880
Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser
885 890 895
Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
900 905 910

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val
915 920 925
Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp
930 935 940
Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu
945 950 955 960
Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His
965 970 975

Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe
980 985 990
Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
995 1000 1005
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1010 1015 1020
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1025 1030 1035

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1040 1045 1050
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1055 1060 1065
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1070 1075 1080

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1085 1090 1095

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1100 1105 1110
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1115 1120 1125
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1130 1135 1140
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1145 1150 1155

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1160 1165 1170
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1175 1180 1185
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1190 1195 1200
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1205 1210 1215

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1220 1225 1230
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1235 1240 1245
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1250 1255 1260
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1265 1270 1275

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1280 1285 1290
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1295 1300 1305
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1310 1315 1320

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1325 1330 1335

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1340 1345 1350

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1355 1360 1365

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1370 1375 1380

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1385 1390 1395

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1400 1405 1410

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1415 1420 1425

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1430 1435 1440

<210> 17

<211> 1438

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 17

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

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

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Phe Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

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

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1430 1435
<210> 18
<211> 1438
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 18
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

```
            20                  25                  30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45

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

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

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

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
```

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

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

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

```
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Phe Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
            820                 825                 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
        835                 840                 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
            980                 985                 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
        995                 1000                1005

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
```

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

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

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1430 1435
<210> 19
<211> 12
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 19

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

1 5 10

<210> 20

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 20

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

1 5 10

<210> 21

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 21

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

1 5 10

<210> 22

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 22

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

1 5 10

<210> 23

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 23

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

<210> 24

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 24

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

<210> 25

<211
> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 25

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

<210> 26

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 26

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

<210> 27

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 27

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

<210> 28

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 28

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

<210> 29

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 29

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

<210> 30

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 30

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

1 5 10

<210> 31

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 31

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

1 5 10

<210> 32

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 32

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

1 5 10

<210> 33

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 33

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

1 5 10

<210> 34

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 34

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

<210> 35

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 35

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

<210> 36

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 36

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

<210> 37

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 37

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

<210> 38

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 38

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

<210> 39

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 39

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

<210> 40

<211
> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 40

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

<210> 41

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 41

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

1 5 10

<210> 42

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 42

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

1 5 10

<210> 43

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 43

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

1 5 10

<210> 44

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 44

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

1 5 10

<210> 45

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 45

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

1 5 10

<210> 46

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 46

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

1 5 10

<210> 47

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 47

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

1 5 10

<210> 48

<211> 12

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 48

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

1 5 10

<210> 49

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 49

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

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

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

<210> 50

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 50

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

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

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

35 40

<210> 51

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 51

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

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
20 25 30
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40

<210> 52
<211> 42
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 52
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
20 25 30
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40
<210> 53

<211> 42
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 53
Gly Ala Pro Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1 5 10 15
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Pro Ser Gly Pro
35 40
<210> 54
<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 54

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

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

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
35 40

<210> 55

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 55

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

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

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
35 40

<210> 56

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 56

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

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
20 25 30
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
35 40

<210> 57

<211> 48

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 57

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

<210> 58

<211> 48

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 58

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

<210> 59

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 59

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 60

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 60

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

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
20 25 30
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
35 40 45
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
85 90 95
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
130 135 140

<210> 61
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 61
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1 5 10 15
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
20 25 30
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
35 40 45

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

<210> 62

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 62

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

<210> 63
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 63
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
20 25 30
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
65 70 75 80
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
100 105 110

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
115 120 125
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
130 135 140
<210> 64
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 64

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 65

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 65

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

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

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

35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
85 90 95
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
130 135 140

<210> 66
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 66
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1 5 10 15

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
20 25 30
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
35 40 45
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

<210> 67

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 67

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

<210> 68

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 68

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 69

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 69

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
65 70 75 80
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
100 105 110

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140
<210> 70
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 70
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1 5 10 15

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
20 25 30
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
35 40 45
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

50 55 60

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

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

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

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

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

<210> 71

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 71

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

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

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

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

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

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

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

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
115 120 125
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
130 135 140

<210> 72

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 72

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

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
50 55 60
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 73

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 73

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 74

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 74

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

1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
50 55 60
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 75
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 75
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
35 40 45

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

50 55 60

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

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

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

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

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

<210> 76

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 76

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

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

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

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

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

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

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

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 77
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 77
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
50 55 60
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
100 105 110

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
115 120 125
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140
<210> 78
<211> 288
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 78

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

<210> 79

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 79

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
145 150 155 160

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225 230 235 240
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
245 250 255
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
275 280 285

<210> 80
<211> 288
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 80
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
20 25 30
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
50 55 60
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
65 70 75 80
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
85 90 95
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
100 105 110

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
115 120 125
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
130 135 140
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
145 150 155 160
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
165 170 175

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
180 185 190
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
210 215 220
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
225 230 235 240

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
245 250 255
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
260 265 270
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
275 280 285

<210> 81

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 81

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
195 200 205
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
210 215 220
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
260 265 270
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
275 280 285

<210> 82
<211> 504
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<220><221> MOD_RES
<222> (63)..(63)
<223> Any amino acid
<220><221> MOD_RES
<222> (207)..(207)

<223> Any amino acid
<400> 82
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Xaa Pro

50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Xaa Pro
195 200 205
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
210 215 220
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
260 265 270
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
275 280 285
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
290 295 300

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

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
340 345 350
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
355 360 365
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385 390 395 400
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
405 410 415
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
420 425 430
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
450 455 460
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
485 490 495
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
500

<210> 83
<211> 540
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 83

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

115 120 125
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
165 170 175
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

180 185 190
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

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

530 535 540

<210> 84

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 84

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

50 55 60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

85 90 95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu

100 105 110

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

115 120 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

130 135 140

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

145 150 155 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

180 185 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

210 215 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

225 230 235 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

260 265 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

275 280 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

290 295 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

305 310 315 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

325 330 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro

340 345 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

355 360 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

370 375 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu

385 390 395 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

405 410 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

420 425 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

435 440 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

450 455 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

465 470 475 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu

485 490 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

500 505 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

515 520 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly

530 535 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

545 550 555 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

565 570 575

<210> 85

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 85

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

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

530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

<210> 86

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 86

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

165 170 175
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
180 185 190
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

225 230 235 240
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
245 250 255
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
260 265 270
Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
275 280 285
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

290 295 300
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305 310 315 320
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
325 330 335
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
340 345 350
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

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

530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

<210> 87

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 87

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

20 25 30
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
35 40 45
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
50 55 60
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

85 90 95
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
100 105 110
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
115 120 125
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
130 135 140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

145 150 155 160
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
165 170 175
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
180 185 190
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
485 490 495
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
500 505 510
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
515 520 525
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

530 535 540
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
545 550 555 560
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
565 570 575

<210> 88

<211> 625

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 88

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

1 5 10 15
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
50 55 60
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

65 70 75 80
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
85 90 95
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
355 360 365
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
370 375 380
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

385 390 395 400
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
405 410 415
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
435 440 445
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

450 455 460
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465 470 475 480
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
485 490 495
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

515 520 525
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
530 535 540
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
565 570 575
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

580 585 590
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

595 600 605

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

610 615 620

Pro

625

<210> 89

<211> 836

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 89

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

35 40 45

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro

50 55 60

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

100 105 110

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

115 120 125

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

130 135 140

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

145 150 155 160

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
165 170 175
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

195 200 205
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
210 215 220
Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
225 230 235 240
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

260 265 270
Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
275 280 285
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
290 295 300
Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305 310 315 320
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

325 330 335
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
340 345 350
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly

385 390 395 400
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

405 410 415

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

420 425 430

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly

435 440 445

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

450 455 460

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

485 490 495

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

500 505 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

515 520 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly

530 535 540

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

545 550 555 560

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

565 570 575

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

580 585 590

Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

595 600 605

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly

610 615 620

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

625 630 635 640

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

645 650 655

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
675 680 685
Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
690 695 700
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

705 710 715 720
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
725 730 735
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
740 745 750
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
755 760 765
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

770 775 780
Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
785 790 795 800
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
805 810 815
Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
820 825 830
Ser Gly Ser Ser
835
<210> 90

<211> 864
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 90
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495

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

```
            500                 505                 510
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        515                 520                 525
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
    530                 535                 540
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545                 550                 555                 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                565                 570                 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
            580                 585                 590
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        595                 600                 605
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    610                 615                 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625                 630                 635                 640
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
                645                 650                 655
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            660                 665                 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        675                 680                 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
    690                 695                 700
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705                 710                 715                 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                725                 730                 735
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
            740                 745                 750
```

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
        755   760   765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
    770   775   780
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785   790   795   800
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
                805   810   815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
            820   825   830
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        835   840   845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    850   855   860
<210> 91
<211> 875
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

      polypeptide
<220><221> MOD_RES
<222> (430)..(432)
<223> Any amino acid
<220><221> MOD_RES
<222> (443)..(446)
<223> Any amino acid
<400> 91
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1   5   10   15
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
            20   25   30
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
165 170 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
245 250 255
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
260 265 270
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
275 280 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
290 295 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305 310 315 320
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
340 345 350
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
355 360 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385 390 395 400
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
405 410 415
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
420 425 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
435 440 445
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
450 455 460
Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
465 470 475 480
Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
485 490 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
500 505 510
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
515 520 525
Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

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

610 615 620

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

625 630 635 640

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

645 650 655

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

660 665 670

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

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
785 790 795 800
Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
805 810 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
820 825 830
Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
835 840 845
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
850 855 860
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
865 870 875
<210> 92
<211> 864

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 92
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
50 55 60
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
195 200 205
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
210 215 220
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
245 250 255
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
260 265 270
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
275 280 285
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305 310 315 320
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385 390 395 400
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
405 410 415
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
435 440 445
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
450 455 460
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
500 505 510
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
515 520 525
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
530 535 540
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
565 570 575
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
580 585 590
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

595 600 605

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

610 615 620

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

625 630 635 640

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

645 650 655

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

660 665 670

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

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
850 855 860

<210> 93

<211> 875

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 93

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

180 185 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
210 215 220
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
290 295 300
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
340 345 350
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385 390 395 400
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

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

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
450 455 460
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465 470 475 480
Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu
485 490 495
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
500 505 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
515 520 525
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
530 535 540
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
545 550 555 560
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
565 570 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser
580 585 590
Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
595 600 605
Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
610 615 620
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
625 630 635 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
645 650 655
Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
660 665 670
Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

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

850 855 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

865 870 875

<210> 94

<211> 913

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 94

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

515 520 525
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
530 535 540
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
565 570 575
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

580 585 590
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
595 600 605
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
610 615 620
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
625 630 635 640
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

645 650 655
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
660 665 670
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
675 680 685
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
690 695 700
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

705 710 715 720
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
725 730 735
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

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

850 855 860

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

865 870 875 880

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

885 890 895

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

900 905 910

Pro

<210> 95

<211> 924

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 95

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

1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
530 535 540
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

545 550 555 560
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
565 570 575
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
580 585 590
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
595 600 605
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

610 615 620
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625 630 635 640
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
645 650 655
Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

675 680 685
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
725 730 735
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

740 745 750
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

```
        755                 760                 765
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
    770                 775                 780
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785                 790                 795                 800
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

                805                 810                 815
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
            820                 825                 830
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
        835                 840                 845
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    850                 855                 860
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

865                 870                 875                 880
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
                885                 890                 895
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            900                 905                 910
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
        915                 920
<210> 96
<211> 1318
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic


      polypeptide
<400> 96
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                   10                  15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30
```

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
210 215 220
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
530 535 540
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545 550 555 560
Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
565 570 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
580 585 590
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
595 600 605
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
610 615 620
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625 630 635 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
645 650 655
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
660 665 670
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
675 680 685
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
690 695 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705 710 715 720
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
725 730 735
Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
740 745 750
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

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

850 855 860

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

865 870 875 880

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

885 890 895

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

900 905 910

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

915 920 925

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

930 935 940

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

945 950 955 960

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

965 970 975

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

980 985 990

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

995 1000 1005

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

1010 1015 1020

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1025 1030 1035
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1040 1045 1050
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1055 1060 1065
Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
1070 1075 1080

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
1085 1090 1095
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1100 1105 1110
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1115 1120 1125
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1130 1135 1140

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1145 1150 1155
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1160 1165 1170
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1175 1180 1185
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1190 1195 1200

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
1205 1210 1215
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala
1220 1225 1230
Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser
1235 1240 1245
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1250 1255 1260

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1265 1270 1275
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1280 1285 1290
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1295 1300 1305
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1310 1315

<210> 97

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 97

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
35 40 45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro
50 55 60
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
385 390 395 400
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
420 425 430

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
450 455 460
Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
465 470 475 480
Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
500 505 510
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
530 535 540
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545 550 555 560

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
565 570 575
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
580 585 590
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
595 600 605
Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala

610 615 620

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser
645 650 655
Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
660 665 670
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
675 680 685

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700
Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
705 710 715 720
Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
725 730 735
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
740 745 750

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
755 760 765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu
770 775 780
Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
785 790 795 800
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
820 825 830
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
835 840 845
Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
850 855 860

<210> 98

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 98

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Glu Thr
195 200 205
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
210 215 220
Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
225 230 235 240
Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Thr Ser Glu
245 250 255

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Ser Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
275 280 285
Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala
290 295 300
Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320

Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
325 330 335
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr
340 345 350
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
355 360 365
Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
370 375 380

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr
385 390 395 400
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu
405 410 415
Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
420 425 430
Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu

435 440 445

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr
450 455 460
Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
465 470 475 480
Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr
500 505 510

Ser Thr Glu Ala Gly Ser Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala
515 520 525
Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala
530 535 540
Gly Ser Glu Thr Ser Thr Glu Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
545 550 555 560
Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr
580 585 590
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
595 600 605
Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala
610 615 620
Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu
625 630 635 640

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
645 650 655
Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser
660 665 670
Gly Thr Ser Thr Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Ser Thr Ala
675 680 685

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

Ser Thr Glu Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
705 710 715 720
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu
725 730 735
Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly
740 745 750
Ser Glu Thr Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
755 760 765

Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Thr
770 775 780
Glu Ala Ser Glu Gly Ser Ala Ser Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
785 790 795 800
Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
805 810 815
Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu
820 825 830

Ser Ala Thr Ser Glu Ser Gly Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Ser
835 840 845
Glu Ser Gly Ala Gly Ser Glu Thr Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Ala
850 855 860

<210> 99
<211> 948
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 99
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
50 55 60
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
145 150 155 160
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
195 200 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
210 215 220
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225 230 235 240
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
245 250 255
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

260 265 270

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
305 310 315 320
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
325 330 335

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
340 345 350
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
355 360 365
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
370 375 380
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
385 390 395 400

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
435 440 445
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
450 455 460

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
465 470 475 480
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
485 490 495
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
500 505 510

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
530 535 540
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545 550 555 560
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
565 570 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
580 585 590

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
595 600 605
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
610 615 620
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
645 650 655

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
675 680 685
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
690 695 700
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
705 710 715 720

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
725 730 735
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
740 745 750
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

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

850 855 860

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

865 870 875 880

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

885 890 895

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

900 905 910

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

915 920 925

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

930 935 940

Glu Ser Gly Pro

945

<210> 100

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 100

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

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

530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

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

610 615 620

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

625 630 635 640

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

645 650 655

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

660 665 670

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

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

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

850 855 860

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

865 870 875 880

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

885 890 895

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

900 905 910

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

915 920 925

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

930 935 940

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

945 950 955 960

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

965 970 975

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

980 985 990

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
995 1000 1005

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1010 1015 1020

Thr

<210> 101

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 101

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
405 410 415
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
420 425 430

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
435 440 445
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
485 490 495

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
500 505 510
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
515 520 525
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
530 535 540
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545 550 555 560

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
565 570 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
580 585 590
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
595 600 605
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
610 615 620

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
625 630 635 640
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

645 650 655

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

660 665 670

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

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

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

820 825 830

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

835 840 845

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

850 855 860

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

865 870 875 880

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

885 890 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
900 905 910
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
915 920 925
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
930 935 940

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
945 950 955 960
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
965 970 975
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
980 985 990
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
995 1000 1005

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Ala

<210> 102
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 102
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

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

50 55 60

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
290 295 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
340 345 350

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
355 360 365
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
385 390 395 400
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
405 410 415

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
435 440 445
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
450 455 460
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
500 505 510
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

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

610 615 620

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

625 630 635 640

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

645 650 655

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

660 665 670

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

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
805 810 815
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
820 825 830
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
850 855 860

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

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

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

<210> 103
<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 103

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
210 215 220
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
245 250 255
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
275 280 285
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
290 295 300
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
305 310 315 320
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
340 345 350
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
405 410 415
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
420 425 430
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
435 440 445
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
465 470 475 480
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
500 505 510
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
515 520 525

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
530 535 540
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
545 550 555 560
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
565 570 575
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
610 615 620
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
625 630 635 640
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
645 650 655

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
675 680 685
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700

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

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
740 745 750
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
755 760 765
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
770 775 780

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
785 790 795 800
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
805 810 815
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
820 825 830
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845

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

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
915 920 925
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
930 935 940
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

945 950 955 960

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

965 970 975

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

980 985 990

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

995 1000 1005

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

1010 1015 1020

Thr

<210> 104

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 104

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
145 150 155 160
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
180 185 190

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
210 215 220
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
245 250 255

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
290 295 300
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
305 310 315 320

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
325 330 335
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

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

530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
610 615 620
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
625 630 635 640

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
645 650 655
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
660 665 670
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
675 680 685
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
690 695 700

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
725 730 735
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
740 745 750
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
755 760 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
770 775 780
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
805 810 815
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

850 855 860

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

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

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

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

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
930 935 940

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
945 950 955 960

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
965 970 975

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
980 985 990

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
995 1000 1005

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1010 1015 1020

Ala

<210> 105
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 105
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
50 55 60
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
195 200 205
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
210 215 220
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225 230 235 240

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

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

420 425 430

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

435 440 445

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

450 455 460

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

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
515 520 525

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
530 535 540

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
545 550 555 560

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
595 600 605

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
610 615 620

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
625 630 635 640

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
675 680 685

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

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

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

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

```
        755                 760                 765
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    770                 775                 780
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
785                 790                 795                 800
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
                805                 810                 815

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
            820                 825                 830
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
        835                 840                 845
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    850                 855                 860
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
865                 870                 875                 880

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
                885                 890                 895
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
            900                 905                 910
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
        915                 920                 925
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
    930                 935                 940

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
945                 950                 955                 960
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
                965                 970                 975
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
            980                 985                 990
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
        995                 1000                1005
```

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Ala

<210> 106
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 106
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280 285

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

290 295 300

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

305 310 315 320

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

325 330 335

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

340 345 350

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

355 360 365

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

370 375 380

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

385 390 395 400

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

405 410 415

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
420 425 430
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
435 440 445
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
450 455 460
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
465 470 475 480

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
485 490 495
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
500 505 510
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
515 520 525
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545 550 555 560
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
565 570 575
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
580 585 590
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
595 600 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
610 615 620
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
625 630 635 640
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
675 680 685
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
690 695 700
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
705 710 715 720
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
740 745 750
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
755 760 765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
770 775 780
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
785 790 795 800

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
805 810 815
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
820 825 830
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860

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

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

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

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

<210> 107
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 107
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
50 55 60
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
145 150 155 160
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
180 185 190
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
195 200 205

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
210 215 220
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225 230 235 240
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
245 250 255
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
260 265 270

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
290 295 300
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
325 330 335

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
340 345 350
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
355 360 365
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385 390 395 400

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
405 410 415
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
435 440 445
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
450 455 460

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
465 470 475 480
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
515 520 525

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
530 535 540
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
545 550 555 560
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

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

610 615 620

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

625 630 635 640

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

645 650 655

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

660 665 670

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

675 680 685

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

690 695 700

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

705 710 715 720

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

725 730 735

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

740 745 750

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

755 760 765

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

770 775 780

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

785 790 795 800

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

805 810 815

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
820 825 830
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845

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

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

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
980 985 990
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
995 1000 1005
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1010 1015 1020
Glu

<210> 108
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 108

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
100 105 110
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
165 170 175
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
180 185 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
195 200 205
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
210 215 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
275 280 285
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
290 295 300
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
355 360 365
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
370 375 380

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
385 390 395 400
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
405 410 415
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
420 425 430
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
435 440 445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
450 455 460
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

465 470 475 480

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

485 490 495

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

500 505 510

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

515 520 525

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

530 535 540

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

545 550 555 560

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

565 570 575

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

580 585 590

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

595 600 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

645 650 655

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

660 665 670

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

675 680 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

690 695 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

705 710 715 720

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
725 730 735
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
770 775 780
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
785 790 795 800
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
805 810 815
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
820 825 830

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
835 840 845
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
850 855 860
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
865 870 875 880
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
885 890 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
900 905 910
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
915 920 925
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
930 935 940
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
945 950 955 960

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

965 970 975

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

980 985 990

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

995 1000 1005

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

1010 1015 1020

Pro

<210> 109

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 109

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

50 55 60

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
145 150 155 160
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
195 200 205
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
210 215 220
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
225 230 235 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
245 250 255
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
290 295 300

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
325 330 335
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
340 345 350
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
355 360 365

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

405 410 415

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

435 440 445

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

450 455 460

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

485 490 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

500 505 510

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

515 520 525

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

530 535 540

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

545 550 555 560

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

565 570 575

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

580 585 590

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

610 615 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
625 630 635 640
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
645 650 655
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
660 665 670
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
675 680 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
725 730 735
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
770 775 780
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
805 810 815

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
820 825 830
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
835 840 845
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

865 870 875 880

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
885 890 895
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
900 905 910
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
915 920 925
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
930 935 940

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
945 950 955 960
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
965 970 975
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
980 985 990
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
995 1000 1005

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1010 1015 1020
Pro

<210> 110
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 110
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
50 55 60
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
165 170 175
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
210 215 220

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
325 330 335
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
340 345 350

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
355 360 365
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
385 390 395 400
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
405 410 415

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
420 425 430
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
435 440 445
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
485 490 495
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

515 520 525

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

530 535 540

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

545 550 555 560

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

565 570 575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

595 600 605

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

645 650 655

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

660 665 670

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

675 680 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

690 695 700

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

705 710 715 720

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

725 730 735

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

755 760 765

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
770 775 780
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
805 810 815
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
820 825 830
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
835 840 845
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
850 855 860

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
865 870 875 880
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
885 890 895
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
900 905 910
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
915 920 925

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
930 935 940
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
945 950 955 960
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
965 970 975
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
980 985 990

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
995 1000 1005
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1010 1015 1020

Glu

<210> 111

<211> 948

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 111

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
50 55 60

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
100 105 110

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
210 215 220
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
225 230 235 240
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
245 250 255
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
275 280 285
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
290 295 300
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
305 310 315 320
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
340 345 350
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
355 360 365
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
385 390 395 400

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
405 410 415
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

420 425 430

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

435 440 445

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

485 490 495

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

515 520 525

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

530 535 540

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

580 585 590

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

595 600 605

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

645 650 655

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
675 680 685
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
690 695 700
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
705 710 715 720

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
725 730 735
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
740 745 750
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
755 760 765
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
770 775 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
785 790 795 800
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
805 810 815
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
820 825 830
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
835 840 845

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
850 855 860
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
865 870 875 880
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
885 890 895
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
900 905 910

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

915 920 925

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

930 935 940

Thr Gly Ser Pro

945

<210> 112

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 112

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

35 40 45

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

50 55 60

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

65 70 75 80

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

145 150 155 160

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
165 170 175
Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

195 200 205
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
210 215 220
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
245 250 255
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

260 265 270
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
275 280 285
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
290 295 300
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
305 310 315 320
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

325 330 335
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
340 345 350
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
355 360 365
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

405 410 415

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

435 440 445

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

450 455 460

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

545 550 555 560

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

565 570 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

595 600 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

645 650 655

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

675 680 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

690 695 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

705 710 715 720

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

725 730 735

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

755 760 765

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

785 790 795 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

805 810 815

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

820 825 830

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

835 840 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

865 870 875 880

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

885 890 895

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

900 905 910

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

915 920 925

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

930 935 940

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

945 950 955 960

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

965 970 975

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

980 985 990

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

995 1000 1005

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1010 1015 1020

Thr

<210> 113

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 113

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

35 40 45

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

50 55 60

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
195 200 205
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
210 215 220
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
245 250 255
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
260 265 270
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
275 280 285
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
290 295 300

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

340 345 350

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

385 390 395 400

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

405 410 415

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

435 440 445

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

450 455 460

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

500 505 510

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

530 535 540

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
565 570 575
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
580 585 590
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
595 600 605
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625 630 635 640
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
645 650 655
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
660 665 670
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
675 680 685

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
690 695 700
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705 710 715 720
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
725 730 735
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
755 760 765
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
770 775 780
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
785 790 795 800
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

805 810 815

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
820 825 830
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
835 840 845
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
850 855 860
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
865 870 875 880

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
885 890 895
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
900 905 910
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
915 920 925
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
930 935 940

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
945 950 955 960
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
965 970 975
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
980 985 990
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
995 1000 1005

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1010 1015 1020
Thr

<210> 114
<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 114

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
50 55 60
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
115 120 125
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
130 135 140
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
180 185 190
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
195 200 205
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
245 250 255
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
260 265 270
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
275 280 285

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
290 295 300
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
305 310 315 320
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
325 330 335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
340 345 350

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
355 360 365
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385 390 395 400
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
405 410 415

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
420 425 430
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
435 440 445
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
485 490 495
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
500 505 510
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
515 520 525
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
530 535 540

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
545 550 555 560
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
565 570 575
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
580 585 590
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
595 600 605

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
610 615 620
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
625 630 635 640
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
645 650 655
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
660 665 670

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
675 680 685
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
690 695 700
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

725 730 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

740 745 750

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

755 760 765

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

770 775 780

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

785 790 795 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

805 810 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

820 825 830

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

835 840 845

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

850 855 860

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

865 870 875 880

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

885 890 895

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

900 905 910

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

915 920 925

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

930 935 940

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

945 950 955 960

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
965 970 975
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
980 985 990

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
995 1000 1005
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1010 1015 1020
Pro

<210> 115
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 115
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
50 55 60
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
100 105 110
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

145 150 155 160

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

180 185 190

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

195 200 205

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

245 250 255

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

275 280 285

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

305 310 315 320

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

340 345 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
405 410 415
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
420 425 430
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
435 440 445
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
485 490 495
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
500 505 510
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
530 535 540
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
545 550 555 560
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
565 570 575
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
595 600 605
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

625 630 635 640

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

645 650 655

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

675 680 685

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

690 695 700

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

725 730 735

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

755 760 765

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

785 790 795 800

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

805 810 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

820 825 830

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

835 840 845

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
865 870 875 880
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
885 890 895
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
900 905 910

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
915 920 925
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
930 935 940
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
945 950 955 960
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
965 970 975

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
980 985 990
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
995 1000 1005
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1010 1015 1020
Gly

<210> 116
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 116
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

35 40 45

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

50 55 60

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

100 105 110

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

145 150 155 160

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

180 185 190

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

195 200 205

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

245 250 255

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

260 265 270

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
275 280 285
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
290 295 300
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
305 310 315 320

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
340 345 350
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
355 360 365
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385 390 395 400
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
420 425 430
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
435 440 445

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
450 455 460
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
485 490 495
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

515 520 525

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

530 535 540

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

580 585 590

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

595 600 605

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

675 680 685

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

690 695 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

725 730 735

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

755 760 765

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
770 775 780
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
785 790 795 800
Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
805 810 815
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
820 825 830

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
835 840 845
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
850 855 860
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
865 870 875 880
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
885 890 895

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
900 905 910
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
915 920 925
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
930 935 940
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
945 950 955 960

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
965 970 975
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
980 985 990
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
995 1000 1005
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser

1010 1015 1020

Pro

<210> 117

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 117

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
50 55 60
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
115 120 125
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
130 135 140
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
145 150 155 160
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

165 170 175

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
195 200 205
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
210 215 220
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
245 250 255
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
260 265 270
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
275 280 285
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
290 295 300

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
305 310 315 320
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
340 345 350
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
355 360 365

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
370 375 380
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
385 390 395 400
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
420 425 430

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
435 440 445
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
450 455 460
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
485 490 495

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
500 505 510
Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
515 520 525
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
530 535 540
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
545 550 555 560

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
565 570 575
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
580 585 590
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
595 600 605
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
625 630 635 640
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
645 650 655
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

675 680 685

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

690 695 700

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

725 730 735

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

755 760 765

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

770 775 780

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

785 790 795 800

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

805 810 815

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

820 825 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

835 840 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

850 855 860

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

865 870 875 880

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

885 890 895

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

900 905 910

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
915 920 925
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
930 935 940

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
945 950 955 960
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
965 970 975
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
980 985 990
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
995 1000 1005

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1010 1015 1020
Gly

<210> 118
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 118
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
50 55 60
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

85 90 95

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

130 135 140

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

165 170 175

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

180 185 190

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

195 200 205

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

245 250 255

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

290 295 300

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
340 345 350

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
355 360 365
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
370 375 380
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
385 390 395 400
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
420 425 430
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
435 440 445
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
450 455 460
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
485 490 495
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
500 505 510
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
515 520 525
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545 550 555 560
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

565 570 575

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

580 585 590

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

595 600 605

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

610 615 620

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

625 630 635 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

645 650 655

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

675 680 685

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

690 695 700

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

725 730 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

740 745 750

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

755 760 765

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

770 775 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

785 790 795 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

805 810 815

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
820 825 830
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
835 840 845
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
850 855 860

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
865 870 875 880
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
885 890 895
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
900 905 910
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
915 920 925

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
930 935 940
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
945 950 955 960
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
965 970 975
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
980 985 990

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
995 1000 1005
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1010 1015 1020
Thr

<210> 119
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 119

```
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1               5                  10                  15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
            20                  25                  30
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
        35                  40                  45
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
    50                  55                  60
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
65                  70                  75                  80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
                85                  90                  95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            100                 105                 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
        115                 120                 125
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    130                 135                 140

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
145                 150                 155                 160
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
                165                 170                 175
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
            180                 185                 190
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
        195                 200                 205

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
    210                 215                 220
```

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
245 250 255
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
260 265 270

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
275 280 285
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
290 295 300
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
305 310 315 320
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
340 345 350
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
355 360 365
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
385 390 395 400

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
420 425 430
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
435 440 445
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

485 490 495

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

545 550 555 560

Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

565 570 575

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

580 585 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

595 600 605

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

610 615 620

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

625 630 635 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

675 680 685

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

690 695 700

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

705 710 715 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
725 730 735
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
740 745 750
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
755 760 765
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
785 790 795 800
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
805 810 815
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
820 825 830
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
835 840 845

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
850 855 860
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
865 870 875 880
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
885 890 895
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
900 905 910

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
915 920 925
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
930 935 940
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
945 950 955 960
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

965 970 975

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
980 985 990
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
995 1000 1005
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1010 1015 1020
Gly

<210> 120
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 120
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
35 40 45
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
100 105 110
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
145 150 155 160
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
165 170 175
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
180 185 190

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
195 200 205
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
210 215 220
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
245 250 255

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
260 265 270
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
275 280 285
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
290 295 300
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
340 345 350
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
385 390 395 400
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
405 410 415
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
420 425 430
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
435 440 445

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
450 455 460
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
485 490 495
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
515 520 525
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
530 535 540
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
545 550 555 560
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
580 585 590
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
595 600 605
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

660 665 670

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

675 680 685

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

690 695 700

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

705 710 715 720

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

725 730 735

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

755 760 765

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

770 775 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

785 790 795 800

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

805 810 815

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

820 825 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

835 840 845

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

850 855 860

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
865 870 875 880
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
885 890 895

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
900 905 910
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
915 920 925
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
930 935 940
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
945 950 955 960

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
965 970 975
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
980 985 990
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
995 1000 1005
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1010 1015 1020

Pro

<210> 121
<211> 1024
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 121
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

85 90 95

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

145 150 155 160

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

180 185 190

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly

245 250 255

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
275 280 285
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro
290 295 300

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
305 310 315 320
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
340 345 350
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
355 360 365

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
370 375 380
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
385 390 395 400
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
405 410 415
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
420 425 430

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
435 440 445
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
450 455 460
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
500 505 510
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

```
        515                 520                 525
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
    530                 535                 540
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
545                 550                 555                 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
                565                 570                 575
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
            580                 585                 590
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
        595                 600                 605
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
    610                 615                 620

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
625                 630                 635                 640
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
                645                 650                 655
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            660                 665                 670
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
        675                 680                 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
    690                 695                 700
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
705                 710                 715                 720
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
                725                 730                 735
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
            740                 745                 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
        755                 760                 765
```

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
770 775 780
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
785 790 795 800
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
805 810 815

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
820 825 830
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
835 840 845
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
850 855 860
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
865 870 875 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
885 890 895
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
900 905 910
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
915 920 925
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
930 935 940

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
945 950 955 960
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
965 970 975
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
980 985 990
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
995 1000 1005

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

1010 1015 1020

Pro

<210> 122

<211> 1024

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 122

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
50 55 60
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
145 150 155 160

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
195 200 205
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
245 250 255
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
260 265 270
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
275 280 285

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
290 295 300
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
305 310 315 320
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
340 345 350

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
355 360 365
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
370 375 380
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
385 390 395 400
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

420 425 430

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

435 440 445

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

450 455 460

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

515 520 525

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

530 535 540

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

580 585 590

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

595 600 605

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

625 630 635 640

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

645 650 655

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

660 665 670

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
675 680 685

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
690 695 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705 710 715 720

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
725 730 735

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
755 760 765

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
770 775 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
785 790 795 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
805 810 815

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
820 825 830

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
835 840 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
850 855 860

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly
865 870 875 880

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
885 890 895

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
900 905 910

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

915 920 925

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
930 935 940
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
945 950 955 960
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
965 970 975
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
980 985 990

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
995 1000 1005
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
1010 1015 1020
Pro

<210> 123
<211> 72
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 123
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1 5 10 15

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
20 25 30
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
35 40 45
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
50 55 60
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
65 70

<210> 124

<211> 72

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 124

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
20 25 30

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
35 40 45

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
65 70

<210> 125

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 125

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1 5 10 15

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
20 25 30

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
35 40 45

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
50 55 60

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
65 70 75 80
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
85 90 95

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
100 105

<210> 126
<211> 108
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 126
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
100 105

<210> 127
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 127

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1 5 10 15
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
20 25 30

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
35 40 45
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
50 55 60
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
65 70 75 80
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
85 90 95

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
100 105 110
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
115 120 125
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
130 135 140

<210> 128

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 128

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
20 25 30
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

50 55 60

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

130 135 140

<210> 129

<211> 180

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 129

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1 5 10 15

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

85 90 95

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
115 120 125
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
165 170 175
Pro Ala Thr Ser
180

<210> 130
<211> 216
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 130
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

20 25 30
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
35 40 45
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
65 70 75 80
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

85 90 95

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

130 135 140

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215

<210> 131

<211> 252

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 131

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1 5 10 15

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

20 25 30

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

35 40 45

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
85 90 95
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
115 120 125
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
145 150 155 160
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
165 170 175

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
180 185 190
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
195 200 205
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
210 215 220
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
225 230 235 240

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
245 250

<210> 132
<211> 288
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 132
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1 5 10 15

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

85 90 95

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

100 105 110

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

130 135 140

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

145 150 155 160

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

165 170 175

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

180 185 190

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

195 200 205

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

210 215 220

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

225 230 235 240

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

245 250 255

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
260 265 270
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
275 280 285

<210> 133
<211> 324
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 133
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
20 25 30
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
35 40 45

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
65 70 75 80
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
85 90 95
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
115 120 125
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
145 150 155 160
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
180 185 190
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
195 200 205
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
225 230 235 240

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
260 265 270
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
275 280 285
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
290 295 300

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320
Pro Ala Thr Ser

<210> 134
<211> 360
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 134
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

20 25 30

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

85 90 95

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

115 120 125

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

130 135 140

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

180 185 190

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

210 215 220

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

260 265 270

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

275 280 285

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

290 295 300

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

340 345 350

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

355 360

<210> 135

<211> 360

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 135

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

35 40 45

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

65 70 75 80

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

85 90 95

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
100 105 110
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
115 120 125
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
130 135 140
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
180 185 190
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
195 200 205
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
225 230 235 240
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
245 250 255
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
260 265 270
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
290 295 300
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
325 330 335
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

340 345 350

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
355 360

<210> 136

<211> 432

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 136

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
35 40 45

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
85 90 95

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
115 120 125

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

180 185 190

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

245 250 255

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

260 265 270

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

290 295 300

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

340 345 350

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

355 360 365

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

370 375 380

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

385 390 395 400

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

405 410 415

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

420 425 430

<210> 137

<211> 468

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 137

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
20 25 30

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
145 150 155 160

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
195 200 205
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

225 230 235 240
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
260 265 270
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
275 280 285
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

290 295 300
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
305 310 315 320
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
325 330 335
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
340 345 350
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

355 360 365
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
370 375 380
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
385 390 395 400
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
405 410 415
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

435 440 445

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Glu Ser Ala Thr

465

<210> 138

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 138

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

85 90 95

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

100 105 110

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
145 150 155 160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
165 170 175
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
180 185 190

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
210 215 220
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
225 230 235 240
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
260 265 270
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
275 280 285
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
290 295 300
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
305 310 315 320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
325 330 335
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
340 345 350
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
355 360 365
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
370 375 380

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

385 390 395 400

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

405 410 415

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

420 425 430

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

435 440 445

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

465 470 475 480

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

500

<210> 139

<211> 540

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 139

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

20 25 30

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

50 55 60

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
85 90 95
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

115 120 125
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
130 135 140
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
165 170 175
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

180 185 190
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
195 200 205
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
210 215 220
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
225 230 235 240
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

245 250 255
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
260 265 270
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
275 280 285
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
290 295 300
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

305 310 315 320
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

325 330 335

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

340 345 350

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

355 360 365

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

370 375 380

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

385 390 395 400

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

405 410 415

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

420 425 430

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

435 440 445

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

450 455 460

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

465 470 475 480

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

485 490 495

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

500 505 510

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

515 520 525

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

530 535 540

<210> 140

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 140

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1 5 10 15

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

20 25 30

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

35 40 45

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

50 55 60

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

85 90 95

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

100 105 110

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

115 120 125

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

130 135 140

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

145 150 155 160

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

165 170 175

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

180 185 190

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

195 200 205

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

210 215 220

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

225 230 235 240

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

260 265 270

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

275 280 285

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

290 295 300

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

305 310 315 320

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

325 330 335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

340 345 350

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

355 360 365

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

370 375 380

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

385 390 395 400

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

405 410 415

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

420 425 430

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

435 440 445

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

450 455 460

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

465 470 475 480

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
485 490 495
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
500 505 510
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

515 520 525
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
530 535 540
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
545 550 555 560
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
565 570 575

<210> 141

<211> 612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 141

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
20 25 30
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
35 40 45
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

50 55 60
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
65 70 75 80
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
85 90 95
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

165 170 175

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

210 215 220

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

225 230 235 240

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

245 250 255

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

260 265 270

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

275 280 285

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

290 295 300

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

305 310 315 320

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

340 345 350

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

355 360 365

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

370 375 380

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

385 390 395 400

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

420 425 430

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

450 455 460

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

465 470 475 480

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

485 490 495

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

530 535 540

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

545 550 555 560

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

565 570 575

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

580 585 590

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

595 600 605

Glu Ser Ala Thr

610

<210> 142

<211> 648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 142

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
20 25 30
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
35 40 45
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
85 90 95
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
100 105 110
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
145 150 155 160
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
165 170 175

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
195 200 205
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
210 215 220
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
225 230 235 240
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
260 265 270
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
275 280 285
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
290 295 300
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
305 310 315 320

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
325 330 335
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
340 345 350
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
355 360 365
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
370 375 380

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
385 390 395 400
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
405 410 415
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

420 425 430

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

435 440 445

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

450 455 460

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

465 470 475 480

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

485 490 495

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

500 505 510

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

515 520 525

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

545 550 555 560

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

565 570 575

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

580 585 590

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

595 600 605

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

610 615 620

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

625 630 635 640

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

645

<210> 143

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 143

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1 5 10 15

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
35 40 45

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
65 70 75 80

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
85 90 95

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
100 105 110

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
145 150 155 160

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
195 200 205

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

210 215 220

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

245 250 255

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

260 265 270

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

290 295 300

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

305 310 315 320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

325 330 335

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

340 345 350

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

355 360 365

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

370 375 380

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

385 390 395 400

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

405 410 415

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

420 425 430

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

450 455 460

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

485 490 495
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
500 505 510
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
515 520 525
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

545 550 555 560
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
565 570 575
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
580 585 590
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
595 600 605
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

610 615 620
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
625 630 635 640
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
645 650 655
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
660 665 670
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

675 680
<210> 144
<211> 720
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 144

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1 5 10 15

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
20 25 30

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
50 55 60

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
85 90 95

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
100 105 110

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
115 120 125

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
130 135 140

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
145 150 155 160

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
165 170 175

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
180 185 190

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
195 200 205

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
210 215 220

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

245 250 255

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

260 265 270

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

275 280 285

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

290 295 300

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

305 310 315 320

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

325 330 335

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

340 345 350

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

355 360 365

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

370 375 380

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

385 390 395 400

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

405 410 415

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

420 425 430

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

435 440 445

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

450 455 460

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

465 470 475 480

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

485 490 495

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

500 505 510

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

515 520 525

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

530 535 540

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

545 550 555 560

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

565 570 575

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

580 585 590

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

595 600 605

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

610 615 620

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

625 630 635 640

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

645 650 655

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

660 665 670

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

675 680 685

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

690 695 700

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

705 710 715 720

<210> 145

<211> 756

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1 5 10 15

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

20 25 30

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

50 55 60

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

85 90 95

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

100 105 110

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

115 120 125

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

130 135 140

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

145 150 155 160

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

165 170 175

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

180 185 190

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

210 215 220

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

245 250 255

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

260 265 270

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

275 280 285

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

290 295 300

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

305 310 315 320

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

325 330 335

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

340 345 350

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

355 360 365

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

370 375 380

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

385 390 395 400

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

405 410 415

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

420 425 430

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

435 440 445

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

450 455 460

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

465 470 475 480

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

485 490 495

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

500 505 510

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

515 520 525

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

530 535 540

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

545 550 555 560

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

565 570 575

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

580 585 590

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

595 600 605

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

610 615 620

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

625 630 635 640

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

645 650 655

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

660 665 670

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

675 680 685

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
690 695 700
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

705 710 715 720
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
725 730 735
Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
740 745 750
Thr Ser Glu Ser
755

<210> 146
<211> 792
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 146
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1 5 10 15
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
20 25 30
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
35 40 45
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
65 70 75 80
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
85 90 95
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
100 105 110
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
130 135 140
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
145 150 155 160
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
165 170 175
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
210 215 220
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
225 230 235 240
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
260 265 270
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
275 280 285
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
290 295 300
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
325 330 335
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
340 345 350
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
355 360 365

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
370 375 380

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
385 390 395 400
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
405 410 415
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
435 440 445

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
450 455 460
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
465 470 475 480
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
485 490 495
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
515 520 525
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
545 550 555 560
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
565 570 575

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
580 585 590
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
595 600 605
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

610 615 620

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
625 630 635 640

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
645 650 655

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
660 665 670

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
675 680 685

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
690 695 700

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
705 710 715 720

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
725 730 735

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
740 745 750

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
755 760 765

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
770 775 780

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
785 790

<210> 147

<211> 828

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 147

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1 5 10 15

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

20 25 30

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

35 40 45

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

50 55 60

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

65 70 75 80

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

130 135 140

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

165 170 175

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

195 200 205

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

210 215 220

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

225 230 235 240

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

245 250 255

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

260 265 270

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

275 280 285

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

290 295 300

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

325 330 335

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

340 345 350

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

355 360 365

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

370 375 380

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

385 390 395 400

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

405 410 415

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

420 425 430

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

435 440 445

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

465 470 475 480

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

485 490 495

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

500 505 510

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
515 520 525
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
545 550 555 560
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
565 570 575
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
580 585 590
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

595 600 605
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
610 615 620
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
625 630 635 640
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
645 650 655
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

660 665 670
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
675 680 685
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
690 695 700
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
705 710 715 720
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

725 730 735
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
740 745 750
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

755 760 765

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

770 775 780

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

785 790 795 800

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

805 810 815

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

820 825

<210> 148

<211> 72

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 148

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1 5 10 15

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

20 25 30

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

35 40 45

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

50 55 60

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

65 70

<210> 149

<211> 72

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 149

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
50 55 60
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
65 70

<210> 150

<211> 72

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 150

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1 5 10 15
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

20 25 30
Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
35 40 45
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
50 55 60
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
65 70

<210> 151

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 151

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1 5 10 15

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
20 25 30

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
35 40 45

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
50 55 60

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
65 70 75 80

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
85 90 95

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
100 105

<210> 152

<211> 108

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400

> 152

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
1 5 10 15

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
20 25 30

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

50 55 60

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
65 70 75 80
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
100 105

<210> 153

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 153

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
1 5 10 15
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
20 25 30
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
50 55 60

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
65 70 75 80
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
100 105 110
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
115 120 125

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

130 135 140

<210> 154

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 154

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1 5 10 15
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
20 25 30

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
35 40 45
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
50 55 60
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
65 70 75 80
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
85 90 95

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
100 105 110
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
115 120 125
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 155

<211> 180

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 155

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1 5 10 15
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
20 25 30
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Thr Pro Gly Ser
180

<210> 156

<211> 216

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 156

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1 5 10 15
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
85 90 95
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
165 170 175
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
180 185 190

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
195 200 205
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
210 215
<210> 157
<211> 252
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 157

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1 5 10 15

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
20 25 30

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
35 40 45

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
180 185 190

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
195 200 205

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
210 215 220

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

225 230 235 240

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

245 250

<210> 158

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 158

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1 5 10 15

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

20 25 30

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

65 70 75 80

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

100 105 110

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

180 185 190

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

195 200 205

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

210 215 220

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

225 230 235 240

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

260 265 270

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

275 280 285

<210> 159

<211> 324

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 159

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1 5 10 15

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

20 25 30

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

50 55 60

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

65 70 75 80

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

85 90 95

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

100 105 110

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

115 120 125

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

130 135 140

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

145 150 155 160

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

180 185 190

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

195 200 205

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

210 215 220

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

225 230 235 240

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

260 265 270

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

275 280 285

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

290 295 300

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ser Ser Thr Pro

<210> 160

<211> 360

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<

400> 160

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1 5 10 15

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
20 25 30

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
35 40 45

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
130 135 140

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
165 170 175

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
195 200 205
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
210 215 220
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
225 230 235 240
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
260 265 270
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
275 280 285
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
290 295 300
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
305 310 315 320

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
325 330 335
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
340 345 350
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
355 360

<210> 161
<211> 396
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 161
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1 5 10 15

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

20 25 30

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

35 40 45

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

50 55 60

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

65 70 75 80

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

85 90 95

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

100 105 110

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

115 120 125

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

130 135 140

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

145 150 155 160

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

165 170 175

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

180 185 190

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

195 200 205

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

210 215 220

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

225 230 235 240

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

245 250 255

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

260 265 270

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

275 280 285

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

290 295 300

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

305 310 315 320

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

325 330 335

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

340 345 350

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

355 360 365

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

370 375 380

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

385 390 395

<210> 162

<211> 432

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 162

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1 5 10 15

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

20 25 30

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

35 40 45

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
50 55 60
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
65 70 75 80
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
85 90 95
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

100 105 110
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
115 120 125
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
130 135 140
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
145 150 155 160
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

165 170 175
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
180 185 190
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
195 200 205
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
210 215 220
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

225 230 235 240
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
245 250 255
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
260 265 270
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
275 280 285
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

290 295 300

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

305 310 315 320

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

325 330 335

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

340 345 350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

355 360 365

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

370 375 380

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

405 410 415

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

420 425 430

<210> 163

<211> 468

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 163

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1 5 10 15

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

20 25 30

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

100 105 110
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
130 135 140
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
145 150 155 160
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
180 185 190
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
195 200 205
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
210 215 220
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

225 230 235 240
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
245 250 255
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
260 265 270
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
275 280 285
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

290 295 300
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

325 330 335

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

340 345 350

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

370 375 380

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

385 390 395 400

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

405 410 415

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

420 425 430

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

435 440 445

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

450 455 460

Ala Ser Pro Gly

465

<210> 164

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 164

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1 5 10 15

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

20 25 30

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
35 40 45
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
130 135 140
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
145 150 155 160
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
180 185 190

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
195 200 205
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
210 215 220
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
225 230 235 240
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
245 250 255

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
260 265 270
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

275 280 285

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

290 295 300

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

325 330 335

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

340 345 350

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

370 375 380

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

385 390 395 400

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

405 410 415

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

420 425 430

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

435 440 445

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

450 455 460

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

465 470 475 480

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

485 490 495

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

500

<210> 165

<211> 540

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 165

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1 5 10 15

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
20 25 30

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
35 40 45

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
100 105 110

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

115 120 125

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

130 135 140

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
195 200 205

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

225 230 235 240

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

260 265 270

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

275 280 285

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

290 295 300

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

325 330 335

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

340 345 350

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

355 360 365

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

370 375 380

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

385 390 395 400

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

405 410 415

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

420 425 430

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

435 440 445

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

450 455 460

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

465 470 475 480

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

485 490 495

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

500 505 510

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

515 520 525

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

530 535 540

<210> 166

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 166

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1 5 10 15

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

20 25 30

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

100 105 110

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

145 150 155 160

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

180 185 190

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

195 200 205

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

225 230 235 240

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

260 265 270

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

275 280 285

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

290 295 300

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

305 310 315 320

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

325 330 335

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

340 345 350

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

370 375 380

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

385 390 395 400

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

405 410 415

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

420 425 430

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

435 440 445

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

450 455 460

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

465 470 475 480

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

485 490 495

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

500 505 510

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

515 520 525

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

530 535 540

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

545 550 555 560

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

565 570 575

<210> 167

<211> 612

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 167

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1 5 10 15

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
20 25 30

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
35 40 45

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
85 90 95

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

115 120 125

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
130 135 140

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
165 170 175

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

180 185 190

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
195 200 205

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
210 215 220

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
225 230 235 240

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

245 250 255

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

260 265 270

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

275 280 285

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

290 295 300

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

305 310 315 320

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

325 330 335

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

340 345 350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

355 360 365

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

370 375 380

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

385 390 395 400

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

405 410 415

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

420 425 430

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

435 440 445

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

450 455 460

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

465 470 475 480

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

485 490 495

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

500 505 510

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

515 520 525

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

530 535 540

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

545 550 555 560

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

565 570 575

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

580 585 590

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

595 600 605

Pro Gly Thr Ser

610

<210> 168

<211> 648

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 168

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1 5 10 15

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

20 25 30

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
85 90 95
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
130 135 140
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
145 150 155 160
Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
180 185 190

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
195 200 205
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
210 215 220
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
225 230 235 240
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
245 250 255

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
260 265 270
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
275 280 285
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
290 295 300

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
305 310 315 320

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
325 330 335

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
340 345 350

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
355 360 365

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
370 375 380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
385 390 395 400

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
405 410 415

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
420 425 430

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
435 440 445

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
450 455 460

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
465 470 475 480

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
485 490 495

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
500 505 510

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
515 520 525

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
530 535 540

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

545 550 555 560

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

565 570 575

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

580 585 590

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

595 600 605

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

610 615 620

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

625 630 635 640

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

645

<210> 169

<211> 684

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 169

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1 5 10 15

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

20 25 30

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

100 105 110

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

165 170 175

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

195 200 205

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

210 215 220

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

225 230 235 240

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

260 265 270

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

275 280 285

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

290 295 300

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

305 310 315 320

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

325 330 335

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

340 345 350

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

370 375 380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

385 390 395 400

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

405 410 415

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

420 425 430

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

435 440 445

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

450 455 460

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

465 470 475 480

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

485 490 495

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

500 505 510

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

515 520 525

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

530 535 540

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

545 550 555 560

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

565 570 575

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

580 585 590

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

595 600 605

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

625 630 635 640

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

645 650 655

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

660 665 670

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

675 680

<210> 170

<211> 720

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1 5 10 15

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

20 25 30

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

35 40 45

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

50 55 60

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

65 70 75 80

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro

85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

100 105 110

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

130 135 140

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

145 150 155 160

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

180 185 190

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

195 200 205

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

210 215 220

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

225 230 235 240

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

260 265 270

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

275 280 285

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

290 295 300

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

325 330 335

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

340 345 350

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

370 375 380

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

385 390 395 400

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

405 410 415

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

420 425 430

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

435 440 445

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

450 455 460

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

465 470 475 480

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

485 490 495

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

500 505 510

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

515 520 525

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

530 535 540

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

545 550 555 560

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

565 570 575

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

580 585 590

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

595 600 605

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

625 630 635 640

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

645 650 655

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

660 665 670

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

675 680 685

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

690 695 700

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

705 710 715 720

<210> 171

<211> 756

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 171

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1 5 10 15

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

20 25 30

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

35 40 45

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

65 70 75 80

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

100 105 110

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

180 185 190

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

195 200 205

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

210 215 220

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

225 230 235 240

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

260 265 270

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

275 280 285

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

290 295 300

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

325 330 335

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

340 345 350

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

370 375 380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

385 390 395 400

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

405 410 415

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

420 425 430

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

435 440 445

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

450 455 460

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

465 470 475 480

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

485 490 495

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

500 505 510

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

515 520 525

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

530 535 540

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

545 550 555 560

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
565 570 575
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

580 585 590
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
595 600 605
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
610 615 620
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
625 630 635 640
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

645 650 655
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
660 665 670
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
675 680 685
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
690 695 700
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

705 710 715 720
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
725 730 735
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
740 745 750
Ala Ser Pro Gly
755

<210> 172
<211> 792
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<

400> 172

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1 5 10 15
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
20 25 30
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
180 185 190

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
195 200 205
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
210 215 220
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
225 230 235 240

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
260 265 270
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
275 280 285
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
290 295 300
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
305 310 315 320

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
325 330 335
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
340 345 350
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
355 360 365
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
370 375 380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
385 390 395 400
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
405 410 415
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
420 425 430
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
435 440 445

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
450 455 460
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
465 470 475 480
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

485 490 495

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

500 505 510

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

515 520 525

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

530 535 540

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

545 550 555 560

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

565 570 575

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

580 585 590

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

595 600 605

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

610 615 620

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

625 630 635 640

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

645 650 655

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

660 665 670

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

675 680 685

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

690 695 700

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

705 710 715 720

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

725 730 735

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
740 745 750
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
755 760 765

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
770 775 780
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
785 790

<210> 173
<211> 828
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 173

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1 5 10 15
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
20 25 30
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
35 40 45
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

180 185 190

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

195 200 205

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

210 215 220

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

225 230 235 240

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

245 250 255

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

260 265 270

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

275 280 285

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

290 295 300

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

305 310 315 320

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

325 330 335

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

340 345 350

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

355 360 365

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

370 375 380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
385 390 395 400
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

405 410 415
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
420 425 430
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
435 440 445
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
450 455 460
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

465 470 475 480
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
485 490 495
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
500 505 510
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
515 520 525
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

530 535 540
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
545 550 555 560
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
565 570 575
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
580 585 590
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

595 600 605
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
610 615 620
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

625 630 635 640

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

645 650 655

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

660 665 670

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

675 680 685

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

690 695 700

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

705 710 715 720

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

725 730 735

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

740 745 750

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

755 760 765

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

770 775 780

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

785 790 795 800

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

805 810 815

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

820 825

<210> 174

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 174

Gly Ser Pro Gly

1

<210> 175

<211> 4

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 175

Glu Thr Glu Thr

1

<210> 176

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 176

Pro Gly Ser Ser Ser

1 5

<210> 177

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 177

Gly Pro Ser Gly Pro

1 5

<210> 178

<211> 10

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 178

Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala
1 5 10

<210> 179

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 179

Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr
1 5

<210> 180

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 180

Asp Phe Thr Arg Val Val Gly
1 5

<210> 181

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
peptide

<400> 181

Thr Met Thr Arg Ile Val Gly Gly
1 5

<210> 182

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 182

Ser Pro Phe Arg Ser Thr Gly Gly

1 5

<210> 183

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 183

Leu Gln Val Arg Ile Val Gly Gly

1 5

<210> 184

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 184

Pro Leu Gly Arg Ile Val Gly Gly

1 5

<210> 185

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 185

Ile Glu Gly Arg Thr Val Gly Gly

1 5

<210> 186

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 186

Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val

1 5

<210> 187

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 187

Leu Gly Pro Val Ser Gly Val Pro

1 5

<210> 188

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 188

Val Ala Gly Asp Ser Leu Glu Glu

1 5

<210> 189

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 189

Gly Pro Ala Gly Leu Gly Gly Ala

1 5

<210> 190

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><221> MOD_RES

<222> (2)..(2)

<223> Pro or Ala

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223> Any amino acid

<400> 190

Gly Xaa Xaa Gly Leu Xaa Gly Xaa

1 5

<210> 191

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<

220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 191

Gly Pro Ala Gly Leu Arg Gly Ala

1 5

<210> 192

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Gly or Ala

<220><221> MOD_RES

<222> (8)..(8)

<223

> Any amino acid

<400> 192

Gly Pro Xaa Gly Leu Xaa Xaa Xaa

1 5

<210> 193

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 193

Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg

1 5

<210> 194

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 194

Pro Ala Leu Pro Leu Val Ala Gln

1 5

<210> 195

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 195

Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly

1 5

<210> 196

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 196

Glu Asn Leu Tyr Phe Gln Gly Ser

1 5

<210> 197

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 197

Asp Asp Asp Lys Ile Val Gly Gly

1 5

<210> 198

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 198

Asp Asp Asp Lys Ile Val Gly Gly

1 5

<210> 199

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 199

Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro

1 5

<210> 200

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 200

Leu Glu Val Leu Phe Gln Gly Pro

1 5

<210> 201

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 201

Leu Pro Lys Thr Gly Ser Glu Ser

1 5

<210> 202

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<220><221> MOD_RES

<222> (3)..(3)

<223> Lys, Glu, Ala or Asp

<220><221> MOD_RES

<222> (6)..(6)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (7)..(7)

<223> Glu, Lys or Ser

<400> 202

Leu Pro Xaa Thr Gly Xaa Xaa Ser

1 5

<210> 203

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 203

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 204

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 204

ggttctggtg gcgaaccgtc cgagtctggt agctcaggtg aatctccggg tggctctagc 60

ggttccgagt caggtgaatc tcctggtggt tccagcggtt ccgagtca 108

<210> 205

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 205

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro

35

<210> 206

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 206

ggtagcgaag gttcttctgg tcctggcgag tcttcaggtg aatctcctgg tggttccagc 60

ggttctgaat caggttcctc cgaaagcggt tcttccgagg gcggtcca 108

<210> 207

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 207

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 208

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 208

ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggt ggtccaggtt cctctgaaag cggttcttct 60

gagggtggtc caggtgaatc tccgggtggc tccagcggtt ccgagtca 108

<210> 209

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 209

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Ser Gly Ser Ser

35

<210> 210

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 210

ggttccggtg gcgaaccgtc tgaatctggt agctcaggtt cttctgaaag cggttcttcc 60

gagggtggtc caggttctgg tggtgaacct tccgagtctg gtagctca 108

<210> 211

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 211

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 212

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 212

ggttcttccg aaagcggttc ttctgagggt ggtccaggta gcgaaggttc ttccggtcca 60

ggtgagtctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 213

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 213

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 214

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 214

ggttcctctg aaagcggttc ttccgagggt ggtccaggtg aatctccagg tggttccagc 60

ggttctgagt caggtagcga aggttcttct ggtccaggtg aatcctca 108

<210> 215

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 215

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 216

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 216

ggttctggtg gtgaaccgtc tgagtctggt agctcaggtt ccggtggcga accatccgaa 60

tctggtagct caggtagcga aggttcttcc ggtccaggtg agtcttca 108

<210> 217

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 217

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
20 25 30

Gly Ser Glu Ser
35

<210> 218

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 218

ggttcttccg aaagcggttc ttccgaaggc ggtccaggta gcgaaggttc ttctggtcca 60

ggcgaatctt caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtca 108

<210> 219

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 219

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro

35

<210> 220

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 220

ggttcctccg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cctccgaaag cggttcttcc 60

gagggcggtc caggttcttc tgaaagcggt tcttccgagg gcggtcca 108

<210> 221

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 221

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro

35

<210> 222

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 222

ggttccggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtcca 60

ggcgaatctt caggttcctc tgaaagcggt tcttctgagg gcggtcca 108

<210> 223

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 223

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 224

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 224

ggttctggtg gtgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttct 60

gaaggtggtc caggttccgg tggcgaacct tctgaatctg gtagctca 108

<210> 225

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 225

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 226

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 226

ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtt cctccgaaag cggttcttct 60

gaaggtggtc caggtgaatc tccaggtggt tctagcggtt ctgaatca 108

<210> 227

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 227

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 228

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 228

ggttctggtg gcgaaccgtc tgagtctggt agctcaggtg aatctcctgg tggctccagc 60

ggttctgaat caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 229

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 229

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 230

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 230

ggttccggtg gcgaaccttc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggttctagc 60

ggttctgagt caggttctgg tggtgaacct tccgagtctg gtagctca 108

<210> 231

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 231

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30

Glu Gly Gly Pro
35

<210> 232

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 232

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttcc 60

gagggcggtc caggttcttc cgaaagcggt tcttctgaag gcggtcca 108

<210> 233

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 233

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 234

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 234

ggtgaatctc cgggtggctc cagcggttct gagtcaggta gcgaaggttc ttccggtccg 60

ggtgagtcct caggtagcga aggttcttcc ggtcctggtg agtcttca 108

<210> 235

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 235

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro

35

<210> 236

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 236

ggttctggtg gcgaaccttc cgaatctggt agctcaggtt ccggtggtga accttctgaa 60

tctggtagct caggttcttc tgaaagcggt tcttccgagg gcggtcca 108

<210> 237

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 237

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 238

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 238

ggttccggtg gtgaaccttc tgaatctggt agctcaggtt ccggtggcga accatccgag 60

tctggtagct caggttccgg tggtgaacca tccgagtctg gtagctca 108

<210> 239

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 239

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 240

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 240

ggttccggtg gcgaaccttc tgaatctggt agctcaggtt cctccgaaag cggttcttct 60

gagggcggtc caggtagcga aggttcttct ggtccgggcg agtcttca 108

<210> 241

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 241

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Ser Gly Ser Ser

35

<210> 242

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 242

ggttccggtg gtgaaccgtc cgagtctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtccg 60

ggtgagtctt caggttctgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctca 108

<210> 243
<211> 36
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 243
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
1 5 10 15
Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30
Ser Gly Ser Ser
35
<210> 244
<211> 108
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 244
ggttctggtg gcgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtg aatctcctgg tggttccagc 60
ggttccgagt caggttctgg tggcgaacct tccgaatctg gtagctca 108
<210> 245
<211> 36
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 245
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro

35

<210> 246

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 246

ggttcttccg aaagcggttc ttccgagggc ggtccaggtt ccggtggtga accatctgaa 60

tctggtagct caggttcttc tgaaagcggt tcttctgaag gtggtcca 108

<210> 247

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 247

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 248

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 248

ggtagcgaag gttcttccgg tcctggtgag tcttcaggtg aatctccagg tggctctagc 60

ggttccgagt caggtagcga aggttcttct ggtcctggcg agtcctca 108

<210> 249

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 249

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro

35

<210> 250

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 250

ggttcctctg aaagcggttc ttccgaaggc ggtccaggtt cttccgaaag cggttcttct 60

gagggcggtc caggttcctc cgaaagcggt tcttctgagg gtggtcca 108

<210> 251

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 251

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 252

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 252

ggttctggtg gcgaaccttc cgagtctggt agctcaggtg aatctccggg tggttctagc 60

ggttccgagt caggtgaatc tccgggtggt tccagcggtt ctgagtca 108

<210> 253

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 253

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 254

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 254

ggttctggtg gcgaaccatc tgagtctggt agctcaggta gcgaaggttc ttccggtcca 60

ggcgagtctt caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ctgagtca 108

<210> 255

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 255

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 256

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 256

ggtgaatctc ctggtggttc cagcggttcc gagtcaggtg aatctccagg tggctctagc 60

ggttccgagt caggtgaatc tcctggtggt tctagcggtt ctgaatca 108

<210> 257

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 257

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Ser Gly Ser Ser

35

<210> 258

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 258

ggtagcgaag gttcttccgg tccaggtgaa tcttcaggta gcgaaggttc ttctggtcct 60

ggtgaatcct caggttccgg tggcgaacca tctgaatctg gtagctca 108

<210> 259

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 259

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 260

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 260

ggttctggtg gcgaaccatc cgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtcct 60

ggcgaatctt caggtgaatc tccaggtggc tctagcggtt ccgaatca 108

<210> 261

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 261

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Ser Gly Ser Ser

35

<210> 262

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 262

ggttccggtg gtgaaccgtc cgaatctggt agctcaggtt cctctgaaag cggttcttcc 60

gagggtggtc caggttccgg tggtgaacct tctgagtctg gtagctca 108

<210> 263

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 263

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 264

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 264

ggttcctctg aaagcggttc ttctgagggc ggtccaggtt ctggtggcga accatctgaa 60

tctggtagct caggtagcga aggttcttcc ggtccgggtg aatcttca 108

<210> 265

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 265

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro

20 25 30

Gly Glu Ser Ser

35

<210> 266

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 266

ggttctggtg gtgaaccgtc cgaatctggt agctcaggta gcgaaggttc ttctggtcct 60

ggcgagtctt caggtagcga aggttcttct ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 267

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 267

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Ser Gly Ser Ser
35

<210> 268

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 268

ggttctggtg gcgaaccatc cgagtctggt agctcaggtt cttccgaaag cggttcttcc 60

gaaggcggtc caggttctgg tggtgaaccg tccgaatctg gtagctca 108

<210> 269

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 269

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 270

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 270

ggttccggtg gcgaaccttc cgaatctggt agctcaggtg aatctccggg tggttctagc 60

ggttccgaat caggtgaatc tccaggtggt tctagcggtt ccgaatca 108

<210> 271

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 271

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 272

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 272

ggttccggtg gtgaaccatc tgagtctggt agctcaggtt ccggtggcga accgtccgag 60

tctggtagct caggtgaatc tccgggtggt tccagcggtt ccgaatca 108

<210> 273

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 273

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Glu Ser Ser
35

<210> 274

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 274

ggtagcgaag gttcttctgg tccgggcgaa tcctcaggtt cctccgaaag cggttcttcc 60

gaaggtggtc caggtagcga aggttcttcc ggtcctggtg aatcttca 108

<210> 275

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 275

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

1 5 10 15

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser

35

<210> 276

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 276

ggttcctctg aaagcggttc ttctgaaggc ggtccaggtg aatctccggg tggctccagc 60

ggttctgaat caggtgaatc tcctggtggc tccagcggtt ccgagtca 108

<210> 277

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 277

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly

1 5 10 15

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Ser Gly Ser Ser

35

<210> 278

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 278

ggtagcgaag gttcttctgg tccaggcgag tcttcaggta gcgaaggttc ttccggtcct 60

ggcgagtctt caggttccgg tggcgaaccg tccgaatctg gtagctca 108

<210> 279

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 279

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 280

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 280

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 60

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcacca 108

<210> 281

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 281

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 282

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 282

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 60

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcacca 108

<210> 283

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 283

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro

35

<210> 284

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 284

ggtacctcta ccgaaccgtc tgaaggtagc gcaccaggta cctctgaaag cgcaactcct 60

gagtccggtc caggtacttc tgaaagcgca accccggagt ctggccca 108

<210> 285

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 286

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 286

ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggtagc gcaccaggta cttctgaaag cgcaaccccg 60

gaatccggcc caggtacctc tgaaagcgca accccggagt ccggccca 108

<210> 287

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 287

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu
35

<210> 288

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 288

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactcct 60

gaatccggcc caggtagccc ggcaggttct ccgacttcca ctgaggaa 108

<210> 289

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 289

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 290

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 290

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta gcgaaccggc tacttctggc 60

tctgagactc caggtacttc taccgaaccg tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 291

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 291

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro

35

<210> 292

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 292

ggtagcccgg ctggctctcc aacctccact gaggaaggta gcccggctgg ctctccaacc 60

tccactgaag aaggtagcga accggctacc tccggctctg aaactcca 108

<210> 293

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 293

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 294

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 294

ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctcca 108

<210> 295

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 295

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 296

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 296

ggtagccctg ctggctctcc gacttctact gaggaaggta gcccggctgg ttctccgact 60

tctactgagg aaggtacttc taccgaacct tccgaaggta gcgctcca 108

<210> 297

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 297

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 298

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 298

ggtacttctg aaagcgctac tccggagtcc ggtccaggta cctctaccga accgtccgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tctgagggta gcgctcca 108

<210> 299

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 299

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 300

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 300

ggtacctcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggcagg ttctcctact 60

tccactgagg aaggtacttc taccgaacct tctgagggta gcgcacca 108

<210> 301

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 301

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro

35

<210> 302

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 302

ggtagcgaac cggctacttc cggctctgag actccaggta gccctgctgg ctctccgacc 60

tctaccgaag aaggtacctc tgaaagcgct acccctgagt ctggccca 108

<210> 303

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 303

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro

35

<210> 304

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 304

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 60

gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtcca 108

<210> 305

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 305

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

20 25 30

Ser Thr Glu Glu

35

<210> 306

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 306

ggtacttcta ctgaaccgtc tgaaggcagc gcaccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaaccc caggtagccc agcaggttct ccaacttcta ctgaagaa 108

<210> 307

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 307

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro

35

<210> 308

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 308

ggtagccctg ctggctctcc aacctccacc gaagaaggta cctctgaaag cgcaacccct 60

gaatccggcc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaacccca 108

<210> 309

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 309

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

20 25 30

Ser Thr Glu Glu

35

<210> 310

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 310

ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtcc ggcccaggta gcccggctgg ctctccgact 60

tccaccgagg aaggtagccc ggctggctct ccaacttcta ctgaagaa 108

<210> 311

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 311

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 312

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 312

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 60

gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 313

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 313

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro

35

<210> 314

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 314

ggtagcccgg caggctctcc gacttccacc gaggaaggta cctctactga accttctgag 60

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tctggctctg aaacccca 108

<210> 315

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 315

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 316

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 316

ggtagcccag caggctctcc gacttccact gaggaaggta cttctactga accttccgaa 60

ggcagcgcac caggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctcca 108

<210> 317

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 317

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

20 25 30

Ser Thr Glu Glu

35

<210> 318

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 318

ggtagcgaac ctgctacctc cggttctgaa accccaggta cctctgaaag cgcaactccg 60

gagtctggtc caggtagccc tgcaggttct cctacctcca ctgaggaa 108

<210> 319

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 319

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 320

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 320

ggtacctctg aaagcgctac tccggagtct ggcccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 321

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 321

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 322

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 322

ggtagcccgg ctggttctcc gacttccacc gaggaaggta cctctactga accttctgag 60

ggtagcgctc caggtacctc tactgaacct tccgaaggca gcgctcca 108

<210> 323

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 323

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 324

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 324

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcacca 108

<210> 325

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 325

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 326

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 326

ggtagcgaac ctgcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactcct 60

gaatctggcc caggtacttc tactgaaccg tccgagggca gcgcacca 108

<210> 327

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 327

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 328

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 328

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta gcccagcagg ttctcctacc 60

tccaccgagg aaggtacttc taccgaaccg tccgagggta gcgcacca 108

<210> 329

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 329

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 330

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 330

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 60

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaacccca 108

<210> 331

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 331

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 332

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 332

ggtagcgaac cggcaacttc cggctctgaa accccaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tctggctctg aaacccca 108

<210> 333

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 333

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 334

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 334

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa actccaggta gcgaacctgc aacctccggc 60

tctgaaaccc caggtacttc tactgaacct tctgagggca gcgcacca 108

<210> 335

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 335

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Ser Glu Thr Pro
35

<210> 336

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 336

ggtacttctg aaagcgctac cccggaatct ggcccaggta gcgaaccggc tacttctggt 60

tctgaaaccc caggtagcga accggctacc tccggttctg aaactcca 108

<210> 337

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 337

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30
Glu Ser Gly Pro
35

<210> 338

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 338

ggtacctcta ctgaaccttc cgaaggcagc gctccaggta cctctaccga accgtccgag 60

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgca acccctgaat ccggtcca 108

<210> 339

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 339

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro

35

<210> 340

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 340

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactccg 60

gaatctggtc caggtacttc tgaaagcgct actccggaat ccggtcca 108

<210> 341

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 341

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 342

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 342

ggtagcgaac ctgctacctc cggctctgaa actccaggta gcgaaccggc tacttccggt 60

tctgaaactc caggtacctc taccgaacct tccgaaggca gcgcacca 108

<210> 343

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 343

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro
35

<210> 344

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 344

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa actccaggta cttctaccga accgtccgag 60

ggtagcgctc caggtagcga acctgctact tctggttctg aaactcca 108

<210> 345

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 345

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro

35

<210> 346

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 346

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactcca 108

<210> 347

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 347

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

20 25 30

Ser Thr Glu Glu

35

<210> 348

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 348

ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 60

tctgaaaccc caggtagccc ggctggctct ccgacctcca ccgaggaa 108

<210> 349

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 349

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro

35

<210> 350

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 350

ggtagcgaac cggctacttc cggctctgag actccaggta gcccagctgg ttctccaacc 60

tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgct acccctgaat ctggtcca 108

<210> 351

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 351

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro
35

<210> 352

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 352

ggtacctctg aaagcgcaac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctccggc 60

tctgagactc caggtacctc tgaaagcgca accccggaat ctggtcca 108

<210> 353

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 353

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro

1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 354

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 354

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacctc tcctagcggc gaatcttcta ctgctcca 108

<210> 355

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 355

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 356

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 356

ggtacttctc cgagcggtga atcttctacc gcaccaggtt ctactagctc taccgctgaa 60

tctccgggcc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ctgctcca 108

<210> 357

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 357

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 358

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 358

ggttccacca gctctactgc tgaatctcct ggtccaggta cctctcctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggtacttc tactcctgaa agcggctctg cttctcca 108

<210> 359

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 359

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 360

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 360

ggttctacca gctctactgc agaatctcct ggcccaggtt ccaccagctc taccgcagaa 60

tctccgggtc caggtacttc ccctagcggt gaatcttcta ccgcacca 108

<210> 361

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 361

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro

1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 362

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 362

ggttctacta gctctactgc tgaatctcct ggcccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacctc tactccggaa agcggttctg catctcca 108

<210> 363

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 363

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30

Gly Thr Ala Pro

35

<210> 364

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 364

ggttctacca gctctaccgc agaatctcct ggtccaggta cctctactcc ggaaagcggc 60

tctgcatctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcacca 108

<210> 365

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 365

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 366

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 366

ggttctacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctactcc ggaaagcggc 60

tctgcatctc caggtacttc taccctgaa agcggttctg catctcca 108

<210> 367

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 367

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 368

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 368

ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 60

tctaccgctc caggttctac tagcgaatct ccttctggca ctgcacca 108

<210> 369

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 369

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 370

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 370

ggttccacca gctctactgc agaatctccg ggcccaggtt ctactagctc tactgcagaa 60

tctccgggtc caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 371

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 371

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 372

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 372

ggttccacta gctctactgc agaatctcct ggcccaggta cctctacccc tgaaagcggc 60

tctgcatctc caggttctac cagcgaatcc ccgtctggca ccgcacca 108

<210> 373

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 373

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 374

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 374

ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctcctggtc caggtacctc cccgagcggt gaatcttcta ctgcacca 108

<210> 375

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 375

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 376

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 376

ggttctacca gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggcaccgcac caggttctac tagctctacc gctgaatctc cgggtcca 108

<210> 377

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 377

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 378

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 378

ggttctacca gctctaccgc agaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgctgaa 60

tctcctggtc caggttctac tagctctacc gctgaatctc ctggtcca 108

<210> 379

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 379

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 380

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 380

ggttctacta gcgaatcccc ttctggtact gctccaggtt ccactagctc taccgctgaa 60

tctcctggcc caggttccac tagctctact gcagaatctc ctggtcca 108

<210> 381

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 381

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30

Gly Thr Ala Pro

35

<210> 382

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 382

ggttctacta gcgaatctcc ttctggtacc gctccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggtactgctc caggttctac cagcgaatct ccttctggta ctgcacca 108

<210> 383

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 383

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 384

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 384

ggttccacca gctctactgc tgaatctcct ggcccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctccgggcc caggttccac cagctctacc gctgaatctc cgggtcca 108

<210> 385

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 385

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 386

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 386

ggttccacta gctctaccgc agaatctcct ggtccaggtt ctactagctc tactgctgaa 60

tctccgggtc caggtacctc ccctagcggc gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 387

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 387

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 388

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 388

ggttctagcc cttctgcttc caccggtacc ggcccaggta gctctactcc gtctggtgca 60

actggctctc caggtagctc tactccgtct ggtgcaaccg gctcccca 108

<210> 389

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 389

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 390

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 390

ggtacttccc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cctctactcc ggaaagcggc 60

tccgcatctc caggttctac tagctctact gctgaatctc ctggtcca 108

<210> 391

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 391

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 392

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 392

ggttctacta gctctaccgc tgaatctccg ggtccaggtt ctaccagctc tactgcagaa 60

tctcctggcc caggtacttc tactccggaa agcggttccg cttctcca 108

<210> 393

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 393

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 394

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 394

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctcctggcc caggtacttc taccccggaa agcggctccg cttctcca 108

<210> 395

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 395

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 396

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 396

ggttctacta gcgaatcccc ttctggtact gcaccaggtt ctaccagctc tactgctgaa 60

tctccgggcc caggttccac cagctctacc gcagaatctc ctggtcca 108

<210> 397

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 397

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 398

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 398

ggttccacca gctctaccgc tgaatctccg ggcccaggtt ctaccagcga atccccttct 60

ggcactgcac caggttctac tagctctacc gcagaatctc cgggccca 108

<210> 399

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 399

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro
35

<210> 400

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 400

ggttctacca gctctactgc tgaatctccg ggtccaggta cttccccgag cggtgaatct 60

tctactgcac caggtacttc tactccggaa agcggttccg cttctcca 108

<210> 401

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 401

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 402

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 402

ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 60

ggtaccgcac caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgcacca 108

<210> 403

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 403

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 404

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 404

ggttctacca gcgaatcccc ttctggtact gctccaggtt ctaccagcga atccccttct 60

ggcaccgcac caggtacttc tacccctgaa agcggctccg cttctcca 108

<210> 405

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 405

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro
35

<210> 406

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 406

ggtacctcta ctcctgaaag cggttctgca tctccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagctctact gctgaatctc ctggccca 108

<210> 407

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 407

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 408

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 408

ggttctacca gcgaatcccc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccttct 60

ggtaccgcac caggtacttc tccgagcggc gaatcttcta ctgctcca 108

<210> 409

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 409

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30

Gly Thr Ala Pro

35

<210> 410

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 410

ggttctacta gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagcgaatcc ccttctggta ccgctcca 108

<210> 411

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 411

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 412

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 412

ggttccacca gctctactgc agaatctcct ggcccaggtt ctactagctc taccgcagaa 60

tctcctggtc caggtacctc tactcctgaa agcggttccg catctcca 108

<210> 413

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 413

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro
35

<210> 414

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 414

ggttctacta gctctactgc tgaatctccg ggcccaggtt ctactagctc taccgctgaa 60

tctccgggtc caggttctac tagcgaatct ccttctggta ccgctcca 108

<210> 415

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 415

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 416

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 416

ggtacctccc cgagcggtga atcttctact gcaccaggtt ctactagcga atccccttct 60

ggtactgctc caggttccac cagctctact gcagaatctc cgggtcca 108

<210> 417

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 417

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro

1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 418

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 418

ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact gctccaggta cttcccctag cggtgaatct 60

tctactgctc caggttctac cagctctacc gcagaatctc cgggtcca 108

<210> 419

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 419

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 420

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 420

ggttctacca gctctaccgc tgaatctcct ggcccaggtt ctactagcga atctccgtct 60

ggcaccgcac caggtacttc ccctagcggt gaatcttcta ctgcacca 108

<210> 421

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 421

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 422

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 422

ggttctacta gcgaatctcc ttctggcact gcaccaggtt ctaccagcga atctccgtct 60

ggcactgcac caggtacctc taccctgaa agcggttccg cttctcca 108

<210> 423

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 423

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 424

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 424

ggtacctcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggcaccgcac caggttctac tagctctact gctgaatctc cgggccca 108

<210> 425

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 425

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro
35

<210> 426

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 426

ggttctacta gctctactgc agaatctccg ggcccaggta cctctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 427

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 427

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 428

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 428

ggtacctccc ctagcggcga atcttctact gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 60

tctaccgctc caggtacctc ccctagcggt gaatcttcta ccgcacca 108

<210> 429

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 429

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30

Gly Thr Ala Pro

35

<210> 430

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 430

ggttccacta gctctactgc tgaatctcct ggcccaggta cttctactcc ggaaagcggt 60

tccgcttctc caggttctac tagcgaatct ccgtctggca ccgcacca 108

<210> 431

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 431

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro

1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro

35

<210> 432

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 432

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcact gctccaggta cttctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacttc ccctagcggc gaatcttcta ccgctcca 108

<210> 433

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 433

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

20 25 30

Ser Pro Gly Pro

35

<210> 434

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 434

ggttctacta gcgaatctcc ttctggtacc gctccaggta cttctacccc tgaaagcggc 60

tccgcttctc caggttccac tagctctacc gctgaatctc cgggtcca 108

<210> 435

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 435

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30

Gly Thr Ala Pro

35

<210> 436

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 436

ggttccacta gctctactgc tgaatctcct ggcccaggtt ctaccagctc taccgctgaa 60

tctcctggcc caggttctac cagcgaatct ccgtctggca ccgcacca 108

<210> 437

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 437

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

20 25 30

Ser Ala Ser Pro

35

<210> 438

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 438

ggttctacta gcgaatcccc gtctggtacc gcaccaggta cttctacccc ggaaagcggc 60

tctgcttctc caggtacttc taccccggaa agcggctccg catctcca 108

<210> 439

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 439

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30
Ser Ala Ser Pro
35

<210> 440
<211> 108
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 440
ggttctacta gcgaatcccc gtctggtact gctccaggta cttctactcc tgaaagcggt 60
tccgcttctc caggtacctc tactccggaa agcggttctg catctcca 108

<210> 441
<211> 36
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 441
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30
Thr Gly Ser Pro
35

<210> 442
<211> 108
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 442

ggtgcatccc cgggcactag ctctaccggt tctccaggta ctcctggtag cggtactgct 60

tcttcttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gttctcca 108

<210> 443

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 443

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 444

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 444

ggtagctcta ccccttctgg tgctaccggc tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tacccccttct ggtgctactg gttctcca 108

<210> 445

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 445

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 446

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 446

ggtgcatctc cgggtactag ctctaccggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttccact 60

ggtaccggcc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gttcccca 108

<210> 447

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 447

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 448

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 448

ggtactccgg gcagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

actggttccc caggtgcatc ccctggtact agctctaccg gttctcca 108

<210> 449

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 449

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Arg Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 450

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 450

ggtaccctg gcagcggtac tgcttcttct tctccaggtg cttcccctgg taccagctct 60

accggttctc caggttctag accttctgca tccaccggta ctggtcca 108

<210> 451

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 451

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 452

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 452

ggtgcatctc ctggtaccag ctctaccggt tctccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggctctc caggtgcttc cccgggtacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 453

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 453

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 454

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 454

ggtaccccgg gcagcggtac cgcatcttcc tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

accggttccc caggtagctc taccccgtct ggtgcaaccg gctcccca 108

<210> 455

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 455

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 456

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 456

ggtgcatctc cgggcactag ctctactggt tctccaggtg catcccctgg cactagctct 60

actggttctc caggtgcttc tcctggtacc agctctactg gttctcca 108

<210> 457

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 457

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 458

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 458

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggc tccccaggtt ctagcccgtc tgcttccact 60

ggtactggcc caggtgcttc cccgggcacc agctctactg gttctcca 108

<210> 459

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 459

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

20 25 30

Ser Ser Ser Pro

35

<210> 460

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 460

ggtagctcta ctccttctgg tgctaccggt tccccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggttccc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctcca 108

<210> 461

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 461

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 462

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 462

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggt tccccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggctccc caggtgcatc ccctggcacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 463

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 463

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 464

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 464

ggtactcctg gtagcggtac cgcatcttcc tctccaggtt ctagcccttc tgcatctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 465

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 465

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

20 25 30

Ser Ser Ser Pro

35

<210> 466

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 466

ggtgcttccc cgggcactag ctctaccggt tctccaggtt ctagcccttc tgcatctact 60

ggtactggcc caggtactcc gggcagcggt actgcttctt cctctcca 108

<210> 467

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 467

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 468

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 468

ggtagctcta ctccgtctgg tgctaccggc tctccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

accggctccc caggtgcttc tccgggtacc agctctactg gttctcca 108

<210> 469

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 469

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30
Gly Thr Gly Pro
35

<210> 470
<211> 108
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 470
ggtacccctg gcagcggtac cgcttcttcc tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60
actggctctc caggttctag cccgtctgca tctaccggta ccggccca 108
<210> 471
<211> 36
<212> PRT

<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 471
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30
Ser Ser Ser Pro
35

<210> 472
<211> 108
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 472

ggtagctcta ctccttctgg tgcaaccggc tccccaggta ccccgggcag cggtaccgca 60

tcttcctctc caggtactcc gggtagcggt actgcttctt cttctcca 108

<210> 473

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 473

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 474

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 474

ggtaccccgg gtagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

accggctctc caggtgcttc tccgggcacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 475

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 475

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 476

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 476

ggtagctcta ccccgtctgg tgctaccggc tctccaggta gctctacccc gtctggtgca 60

accggctccc caggtgcatc cccgggtact agctctaccg gttctcca 108

<210> 477

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 477

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 478

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 478

ggtgcttctc cgggcaccag ctctactggt tctccaggta ccccgggcag cggtaccgca 60

tcttcttctc caggtagctc tactccttct ggtgcaactg gttctcca 108

<210> 479

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 479

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

20 25 30

Ser Ser Ser Pro

35

<210> 480

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 480

ggttctagcc cgtctgcttc caccggtact ggcccaggta gctctacccc gtctggtgca 60

actggttccc caggtacccc tggtagcggt accgcttctt cttctcca 108

<210> 481

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 481

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 482

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 482

ggtgcttctc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tacccttct ggtgcaaccg gctctcca 108

<210> 483

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 483

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 484

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 484

ggtgcatccc cgggcaccag ctctaccggt tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

accggctctc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 485

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 485

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 486

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 486

ggtacccctg gtagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 60

accggttctc caggtacccc gggtagcggt accgcatctt cttctcca 108

<210> 487

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 487

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 488

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 488

ggttctagcc cttctgcttc caccggtact ggcccaggta gctctacccc ttctggtgct 60

accggctccc caggtagctc tactccttct ggtgcaactg gctctcca 108

<210> 489

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 489

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro

35

<210> 490

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 490

ggtgcttctc ctggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttctacc 60

ggtactggtc caggttctag cccttctgca tccactggta ctggtcca 108

<210> 491

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 491

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 492

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 492

ggtactcctg gcagcggtac cgcttcttct tctccaggtg cttctcctgg tactagctct 60

actggttctc caggtgcttc tccgggcact agctctactg gttctcca 108

<210> 493

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 493

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 494

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 494

ggtagctcta ccccgtctgg tgctaccggt tccccaggtg cttctcctgg tactagctct 60

accggttctc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 495

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 495

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 496

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 496

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggt tctccaggta ctccgggcag cggtactgct 60

tcttcctctc caggtagctc taccccttct ggtgctactg gctctcca 108

<210> 497

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 497

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 498

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 498

ggtgcatctc ctggtaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc tactccttct ggtgctaccg gttctcca 108

<210> 499

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 499

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 500

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 500

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tctccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

actggttccc caggtagctc taccccgtct ggtgcaactg gctctcca 108

<210> 501

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 501

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 502

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 502

ggtgcatccc cgggtaccag ctctaccggt tctccaggta ctcctggcag cggtactgca 60

tcttcctctc caggtgcttc tccgggcacc agctctactg gttctcca 108

<210> 503

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 503

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 504

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 504

ggtagctcta ctccttctgg tgcaactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcatccact 60

ggtaccggtc caggtgcttc ccctggcacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 505

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 505

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro

35

<210> 506

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 506

ggtgcatctc ctggtactag ctctactggt tctccaggta gctctactcc gtctggtgca 60

accggctctc caggttctag cccttctgca tctaccggta ctggtcca 108

<210> 507

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 507

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 508

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 508

ggtactcctg gcagcggtac cgcatcttcc tctccaggta gctctactcc gtctggtgca 60

actggttccc caggtgcttc tccgggtacc agctctaccg gttctcca 108

<210> 509

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 509

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 510

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 510

ggtagctcta ccccgtctgg tgcaaccggc tccccaggta ctcctggtag cggtaccgct 60

tcttcttctc caggtagctc tactccgtct ggtgctaccg gctcccca 108

<210> 511

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 511

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
20 25 30

Thr Gly Ser Pro
35

<210> 512

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 512

ggttctagcc cttctgcatc caccggtacc ggcccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 60

ggtactggtc caggtgcttc tccgggtact agctctactg gttctcca 108

<210> 513

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 513

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 514

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 514

ggtaccccgg gtagcggtac cgcttcttct tctccaggta gctctactcc gtctggtgct 60

accggctctc caggttctaa cccttctgca tccaccggta ccggccca 108

<210> 515

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 515

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr

1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 516

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 516

ggttctagcc cttctgcatc tactggtact ggcccaggta gctctactcc ttctggtgct 60

accggctctc caggtgcttc tccgggtact agctctaccg gttctcca 108

<210> 517

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 517

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 518

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 518

ggtagctcta ccccttctgg tgcaaccggc tctccaggtg catccccggg taccagctct 60

accggttctc caggtactcc gggtagcggt accgcttctt cctctcca 108

<210> 519

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 519

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 520

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 520

ggtagctcta ctccgtctgg tgcaaccggt tccccaggta gctctacccc ttctggtgca 60

accggctccc caggtagctc taccccttct ggtgcaactg gctctcca 108

<210> 521

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 521

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 522

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 522

ggtgcttctc ctggcactag ctctaccggt tctccaggta cccctggtag cggtaccgca 60

tcttcctctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gttcccca 108

<210> 523

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 523

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 524

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 524

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tccccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 60

ggtaccggtc caggttctag cccgtctgca tctactggta ctggtcca 108

<210> 525

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro
35

<210> 526

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 526

ggtgcttccc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctact 60

ggtactggtc caggttctag cccttctgct tccactggta ctggtcca 108

<210> 527

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 527

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
20 25 30

Ser Ser Ser Pro
35

<210> 528

<211> 108

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 528

ggtgcttccc cgggtaccag ctctaccggt tctccaggtt ctagcccttc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtacccc tggcagcggt accgcatctt cctctcca 108

<210> 529

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 529

ggtaccccgg gcagcggtac cgcatcttcc tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 60

accggttccc caggtagctc taccccgtct ggtgcaaccg gctccccagg tagcccggct 120

ggctctccta cctctactga ggaaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtctggtcca 180

ggtacctcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gctccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 240

ggtaccggcc caggttctag cccgtctgct tctaccggta ctggtccagg tgcttctccg 300

ggtactagct ctactggttc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 360

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta gcgaaccggc aacctccggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 530

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 530

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 531

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 531

ggttctacca gcgaatcccc ttctggcact gcaccaggtt ctactagcga atccccttct 60

ggtaccgcac caggtacttc tccgagcggc gaatcttcta ctgctccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggtg catctcctgg taccagctct 240

accggttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctccagg tgcttccccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 360

ggttctacca gcgaatctcc gtctggcact gcaccaggta cctctacccc tgaaagcggt 420

tccgcttctc ca 432

<210> 532

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 532

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 533
<211> 432
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 533

ggtacttcta ccgaaccttc cgagggcagc gcaccaggta cttctgaaag cgctacccct 60
gagtccggcc caggtacttc tgaaagcgct actcctgaat ccggtccagg tacctctact 120
gaaccttctg agggcagcgc tccaggtact tctgaaagcg ctaccccgga gtccggtcca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cttctactga accttccgaa 240
ggtagcgctc caggtagcga acctgctact tctggttctg aaaccccagg tagcccggct 300
ggctctccga cctccaccga ggaaggtgct tctcctggca ccagctctac tggttctcca 360
ggttctagcc cttctgcttc taccggtact ggtccaggtt ctagcccttc tgcatccact 420
ggtactggtc ca 432

<210> 534
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 534

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Pro
100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
130 135 140

<210> 535

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 535

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactccg 60

gaatctggtc caggtacttc tgaaagcgct actccggaat ccggtccagg ttctaccagc 120

gaatctcctt ctggcaccgc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 180

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gcaccaggtg catctccggg tactagctct 240

accggttctc caggttctag cccttctgct tccactggta ccggcccagg tagctctacc 300

ccgtctggtg ctactggttc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 360

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 420

accggttctc ca 432

<210> 536

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 536

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 537

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 537

ggtgcttctc cgggcaccag ctctactggt tctccaggtt ctagcccttc tgcatccacc 60

ggtaccggtc caggtagctc taccccttct ggtgcaaccg gctctccagg tacttctgaa 120

agcgctaccc cggaatctgg cccaggtagc gaaccggcta cttctggttc tgaaacccca 180

ggtagcgaac cggctacctc cggttctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 240

gagtccggtc caggtacctc taccgaaccg tccgaaggca gcgctccagg tacttctact 300

gaaccttctg agggtagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg tagcgcacca 360

ggtacctcta ctgaaccgtc tgagggtagc gctccaggta gcgaaccggc aacctccggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 538

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 538

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

130 135 140

<210> 539

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 539

ggtacctcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggcagg ttctcctact 60

tccactgagg aaggtacttc taccgaacct tctgagggta gcgcaccagg tacctctgaa 120

agcgcaactc ctgagtctgg cccaggtagc gaacctgcta cctccggctc tgagactcca 180

ggtacctctg aaagcgcaac cccggaatct ggtccaggta gcccggctgg ctctcctacc 240

tctactgagg aaggtacttc tgaaagcgct actcctgagt ctggtccagg tacctctact 300

gaaccgtccg aaggtagcgc tccaggtagc gaacctgcta cttctggttc tgaaactcca 360

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 540

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 540

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

35 40 45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

130 135 140

<210> 541

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 541

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 60

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tacttctacc 120

gaaccgtccg aaggcagcgc tccaggtacc tctactgaac cttccgaggg cagcgctcca 180

ggtacctcta ccgaaccttc tgaaggtagc gcaccaggta cttctaccga accttccgag 240

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgct acccctgagt ccggcccagg tacttctgaa 300

agcgctactc ctgaatccgg tccaggtact tctactgaac cttccgaagg tagcgctcca 360

ggtagcgaac ctgctacttc tggttctgaa accccaggta gcccggctgg ctctccgacc 420

tccaccgagg aa 432

<210> 542

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 542

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140

<210> 543

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 543

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcaccagg ttctaccagc 120

gaatcccctt ctggtactgc tccaggttct accagcgaat ccccttctgg caccgcacca 180

ggtacttcta cccctgaaag cggctccgct tctccaggta gcgaacctgc aacctctggc 240

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ctggcccagg tacttctact 300

gaaccgtccg agggcagcgc accaggtact tctactgaac cgtctgaagg tagcgcacca 360

ggtacttctg aaagcgcaac cccggaatcc ggcccaggta cctctgaaag cgcaaccccg 420

gagtccggcc ca 432

<210> 544

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 544

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140

<210> 545

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 545

ggtagctcta ccccttctgg tgctaccggc tctccaggtt ctagcccgtc tgcttctacc 60

ggtaccggtc caggtagctc taccccttct ggtgctactg gttctccagg tagccctgct 120

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 180

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtg cttccccggg cactagctct 240

accggttctc caggttctag cccttctgca tctactggta ctggcccagg tactccgggc 300

agcggtactg cttcttcctc tccaggttct actagctcta ctgctgaatc tcctggccca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctacc gctccaggta cctctactcc ggaaagcggt 420

tctgcatctc ca 432

<210> 546

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 546

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 547

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 547

ggtacctcta ctgaaccttc tgagggcagc gctccaggta cttctgaaag cgctaccccg 60
gagtccggtc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tacttctact 120
gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtact tctgaaagcg caaccccgga atccggccca 180

ggtacctctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggta ctcctggcag cggtaccgct 240
tcttcttctc caggtgcttc tcctggtact agctctactg gttctccagg tgcttctccg 300
ggcactagct ctactggttc tccaggtagc cctgctggct ctccgacttc tactgaggaa 360
ggtagcccgg ctggttctcc gacttctact gaggaaggta cttctaccga accttccgaa 420
ggtagcgctc ca 432

<210> 548

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 548

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 549
<211> 432
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 549

ggtagcccag caggctctcc gacttccact gaggaaggta cttctactga accttccgaa 60
ggcagcgcac caggtacctc tactgaacct tctgagggca gcgctccagg tacctctacc 120
gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtacc tctgaaagcg caactcctga gtccggtcca 180

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtct ggcccaggta ccccgggtag cggtactgct 240
tcttcctctc caggtagctc taccccttct ggtgcaaccg gctctccagg tgcttctccg 300
ggcaccagct ctaccggttc tccaggtacc tctactgaac cttctgaggg cagcgctcca 360
ggtacttctg aaagcgctac cccggagtcc ggtccaggta cttctactga accgtccgaa 420
ggtagcgcac ca 432

<210> 550
<211> 144
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 550

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 551

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 551

ggtagcgaac cggcaacctc cggctctgaa actccaggta cttctgaaag cgctactccg 60

gaatccggcc caggtagcga accggctact tccggctctg aaaccccagg tagctctacc 120

ccgtctggtg caaccggctc cccaggtact cctggtagcg gtaccgcttc ttcttctcca 180

ggtagctcta ctccgtctgg tgctaccggc tccccaggtg catctcctgg taccagctct 240

accggttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctccagg tgcttccccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggtagc gaacctgcta cttctggttc tgaaactcca 360

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 420

tctgaaactc ca 432

<210> 552

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 552

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
35 40 45

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
50 55 60

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 553

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 553

ggtacctcta ctgaaccttc cgaaggcagc gctccaggta cctctaccga accgtccgag 60

ggcagcgcac caggtacttc tgaaagcgca acccctgaat ccggtccagg tagccctgct 120

ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 180

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggctgg ttctccgact 240

tccaccgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggta gcgctccagg tacctctact 300

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtgct tccccgggca ccagctctac tggttctcca 360

ggttctagcc cgtctgcttc tactggtact ggtccaggtt ctagcccttc tgcttccact 420

ggtactggtc ca 432

<210> 554

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 554

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Pro
100 105 110
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
130 135 140

<210> 555
<211> 432
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 555
ggtagctcta ccccgtctgg tgctaccggt tccccaggtg cttctcctgg tactagctct 60
accggttctc caggtagctc taccccgtct ggtgctactg gctctccagg tagccctgct 120
ggctctccaa cctccaccga agaaggtacc tctgaaagcg caacccctga atccggccca 180

ggtagcgaac cggcaacctc cggttctgaa accccaggtg catctcctgg tactagctct 240
actggttctc caggtagctc tactccgtct ggtgcaaccg gctctccagg ttctagccct 300
tctgcatcta ccggtactgg tccaggttct accagcgaat ccccttctgg tactgctcca 360
ggttctacca gcgaatcccc ttctggcacc gcaccaggta cttctacccc tgaaagcggc 420
tccgcttctc ca 432
<210> 556
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 556
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1 5 10 15

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 557

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 557

ggttctacca gcgaatctcc ttctggcacc gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 60

ggtaccgcac caggtacttc tcctagcggc gaatcttcta ccgcaccagg tacctctgaa 120

agcgctactc cggagtctgg cccaggtacc tctactgaac cgtctgaggg tagcgctcca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta cctctactga accttctgag 240

ggcagcgctc caggtacttc tgaaagcgct accccggagt ccggtccagg tacttctact 300

gaaccgtccg aaggtagcgc accaggtagc tctaccccgt ctggtgctac cggttcccca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctaccggt tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 420

actggctctc ca 432

<210> 558

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 558

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 559

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 559

ggttctacta gctctactgc agaatctccg ggcccaggta cctctcctag cggtgaatct 60

tctaccgctc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ccgctccagg ttctactagc 120

tctaccgctg aatctccggg tccaggttct accagctcta ctgcagaatc tcctggccca 180

ggtacttcta ctccggaaag cggttccgct tctccaggta cttctcctag cggtgaatct 240

tctaccgctc caggttctac cagctctact gctgaatctc ctggcccagg tacttctacc 300

ccggaaagcg gctccgcttc tccaggttct accagctcta ccgctgaatc tcctggccca 360

ggttctacta gcgaatctcc gtctggcacc gcaccaggta cttcccctag cggtgaatct 420

tctactgcac ca 432

<210> 560

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 560

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
65 70 75 80

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

130 135 140

<210> 561

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 561

ggtacctcta ctccggaaag cggttccgca tctccaggtt ctaccagcga atccccgtct 60

ggcaccgcac caggttctac tagctctact gctgaatctc cgggcccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta cctctgaaag cgctactccg 240

gagtctggcc caggtacctc tactgaaccg tctgagggta gcgctccagg tacttctact 300

gaaccgtccg aaggtagcgc accaggtact tctgaaagcg ctactccgga gtccggtcca 360

ggtacctcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cttctactga accttctgag 420

ggtagcgctc cc 432

<210> 562

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 562

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

<210> 563

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 563

ggtacctcta ccgaaccgtc cgagggtagc gcaccaggta cctctactga accgtctgag 60

ggtagcgctc caggtagcga accggcaacc tccggttctg aaactccagg tacttctact 120

gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtact tctgaaagcg caaccccgga atccggccca 180

ggtacctctg aaagcgcaac cccggagtcc ggcccaggtg catctccggg tactagctct 240

accggttctc caggttctag cccttctgct tccactggta ccggcccagg tagctctacc 300

ccgtctggtg ctactggttc cccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 360

ggtagctcta ctccttctgg tgctactggc tccccaggtg catcccctgg caccagctct 420

accggttctc ca 432

<210> 564

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 564

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

<210> 565

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 565

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa actccaggta gcgaacctgc aacctccggc 60

tctgaaaccc caggtacttc tactgaacct tctgagggca gcgcaccagg tagcgaacct 120

gcaacctctg gctctgaaac cccaggtacc tctgaaagcg ctactcctga atctggccca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgagggcagc gcaccaggta gctctactcc gtctggtgct 240

accggctctc caggtagctc tacccttct ggtgcaaccg gctccccagg tgcttctccg 300

ggtaccagct ctactggttc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac cggttcccca 360

ggtgcttctc ctggtactag ctctaccggt tctccaggta gctctacccc gtctggtgct 420

actggctctc ca 432

<210> 566

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 566

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 567

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 567

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcaccagg tacttctgaa 120

agcgctactc cggagtccgg tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaagg cagcgctcca 180

ggtacttcta ctgaaccttc tgagggtagc gctccaggtt ctactagcga atctccgtct 240

ggcactgctc caggtacttc tcctagcggt gaatcttcta ccgctccagg tacttcccct 300

agcggcgaat cttctaccgc tccaggtagc ccggctggct ctcctacctc tactgaggaa 360

ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct ggtccaggta cctctactga accgtccgaa 420

ggtagcgctc ca 432

<210> 568

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 568

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 569

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 569

ggtacttcta ctgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcgaacctgc tacttctggt 60

tctgaaaccc caggtagccc ggctggctct ccgacctcca ccgaggaagg tagcccggca 120

ggctctccga cctctactga ggaaggtact tctgaaagcg caaccccgga gtccggccca 180

ggtacctcta ccgaaccgtc tgagggcagc gcaccaggta cctctactga accttccgaa 240

ggcagcgctc caggtacctc taccgaaccg tccgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 300

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggctcccca 360

ggttctagcc cgtctgcttc cactggtact ggcccaggtg cttccccggg caccagctct 420

actggttctc ca 432

<210> 570

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 570

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
65 70 75 80
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
115 120 125

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 571
<211> 432
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 571

ggtagcgaac cggctacttc cggctctgag actccaggta gccctgctgg ctctccgacc 60
tctaccgaag aaggtacctc tgaaagcgct acccctgagt ctggcccagg tacctctact 120
gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggta cctctactcc ggaaagcggt 240
tccgcatctc caggttctac cagcgaatcc ccgtctggca ccgcaccagg ttctactagc 300
tctactgctg aatctccggg cccaggtact tctgaaagcg ctactccgga gtccggtcca 360
ggtacctcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cttctactga accttctgag 420
ggtagcgctc ca 432

<210> 572
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 572

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
65 70 75 80
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
85 90 95
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 573

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 573

ggtacttcta ccgaaccgtc cgagggcagc gctccaggta cttctactga accttctgaa 60

ggcagcgctc caggtacttc tactgaacct tccgaaggta gcgcaccagg tacctctacc 120

gaaccgtctg aaggtagcgc accaggtacc tctgaaagcg caactcctga gtccggtcca 180

ggtacttctg aaagcgcaac cccggagtct ggcccaggta ctcctggcag cggtaccgca 240

tcttcctctc caggtagctc tactccgtct ggtgcaactg gttccccagg tgcttctccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggttcc accagctcta ctgctgaatc tcctggtcca 360

ggtacctctc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cttctactcc tgaaagcggc 420

tctgcttctc ca 432

<210> 574

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 574

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 575

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 575

ggtagcccgg caggctctcc gacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgcaaccccg 60

gagtccggcc caggtacctc taccgaaccg tctgagggca gcgcaccagg tacttctgaa 120

agcgcaaccc ctgaatccgg tccaggtagc gaaccggcta cttctggctc tgagactcca 180

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggta gcccggctgg ttctccgact 240

tccaccgagg aaggtacctc tactgaacct tctgagggta gcgctccagg tacctctact 300

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtact tctaccgaac cgtccgaggg cagcgctcca 360

ggtacttcta ctgaaccttc tgaaggcagc gctccaggta cttctactga accttccgaa 420

ggtagcgcac ca 432

<210> 576

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 576

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 577

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 577

ggtacttctc cgagcggtga atcttctacc gcaccaggtt ctactagctc taccgctgaa 60

tctccgggcc caggtacttc tccgagcggt gaatcttcta ctgctccagg tacctctgaa 120

agcgctactc cggagtctgg cccaggtacc tctactgaac cgtctgaggg tagcgctcca 180

ggtacttcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gcaccaggtt ctagcccttc tgcatctact 240

ggtactggcc caggtagctc tactccttct ggtgctaccg gctctccagg tgcttctccg 300

ggtactagct ctaccggttc tccaggtact tctactccgg aaagcggttc cgcatctcca 360

ggtacttctc ctagcggtga atcttctact gctccaggta cctctcctag cggcgaatct 420

tctactgctc ca 432

<210> 578

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 578

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140

<210> 579
<211> 432
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 579
ggtacctctg aaagcgctac tccggagtct ggcccaggta cctctactga accgtctgag 60
ggtagcgctc caggtacttc tactgaaccg tccgaaggta gcgcaccagg tagccctgct 120
ggctctccga cttctactga ggaaggtagc ccggctggtt ctccgacttc tactgaggaa 180

ggtacttcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggtt ctagcccttc tgcttccacc 240
ggtactggcc caggtagctc tacccttct ggtgctaccg gctccccagg tagctctact 300
ccttctggtg caactggctc tccaggtagc gaaccggcaa cttccggctc tgaaacccca 360
ggtacttctg aaagcgctac tcctgagtct ggcccaggta gcgaacctgc tacctctggc 420
tctgaaaccc ca 432
<210> 580
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 580

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
65 70 75 80

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
130 135 140

<210> 581

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 581

ggtacttcta ccgaaccgtc cgaaggcagc gctccaggta cctctactga accttccgag 60

ggcagcgctc caggtacctc taccgaacct tctgaaggta gcgcaccagg tagctctacc 120

ccgtctggtg ctaccggttc cccaggtgct tctcctggta ctagctctac cggttctcca 180

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggc tctccaggta cttctgaaag cgcaacccct 240

gaatccggtc caggtagcga accggctact tctggctctg agactccagg tacttctacc 300

gaaccgtccg aaggtagcgc accaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 360

ggttctacca gcgaatctcc gtctggcact gcaccaggta cctctacccc tgaaagcggt 420

tccgcttctc ca 432

<210> 582

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 582

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
35 40 45

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
50 55 60

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
130 135 140

<210> 583

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 583

ggtacctcta ctcctgaaag cggttctgca tctccaggtt ccactagctc taccgcagaa 60

tctccgggcc caggttctac tagctctact gctgaatctc ctggcccagg ttctagccct 120

tctgcatcta ctggtactgg cccaggtagc tctactcctt ctggtgctac cggctctcca 180

ggtgcttctc cgggtactag ctctaccggt tctccaggta gcgaaccggc aacctccggc 240

tctgaaaccc caggtacctc tgaaagcgct actcctgaat ccggcccagg tagcccggca 300

ggttctccga cttccactga ggaaggttct actagcgaat ctccttctgg cactgcacca 360

ggttctacca gcgaatctcc gtctggcact gcaccaggta cctctacccc tgaaagcggt 420

tccgcttctc cc 432

<210> 584

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 584

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
20 25 30

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
50 55 60

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser

100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

115 120 125

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

130 135 140

<210> 585

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 585

ggtagcccgg ctggctctcc tacctctact gaggaaggta cttctgaaag cgctactcct 60

gagtctggtc caggtacctc tactgaaccg tccgaaggta gcgctccagg ttctaccagc 120

gaatctcctt ctggcaccgc tccaggttct actagcgaat ccccgtctgg taccgcacca 180

ggtacttctc ctagcggcga atcttctacc gcaccaggta cctctaccga accttccgaa 240

ggtagcgctc caggtagccc ggcaggttct cctacttcca ctgaggaagg tacttctacc 300

gaaccttctg agggtagcgc accaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 420

ggcagcgcac ca 432

<210> 586

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 586

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro

50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

65 70 75 80

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

<210> 587

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 587

ggtacctcta ccgaaccttc cgaaggtagc gctccaggta gcccggcagg ttctcctact 60

tccactgagg aaggtacttc taccgaacct tctgagggta gcgcaccagg tacctcccct 120

agcggcgaat cttctactgc tccaggtacc tctcctagcg gcgaatcttc taccgctcca 180

ggtacctccc ctagcggtga atcttctacc gcaccaggtt ctaccagcga atccccttct 240

ggtactgctc caggttctac cagcgaatcc ccttctggca ccgcaccagg tacttctacc 300

cctgaaagcg gctccgcttc tccaggtagc gaacctgcaa cctctggctc tgaaacccca 360

ggtacctctg aaagcgctac tcctgaatct ggcccaggta cttctactga accgtccgag 420

ggcagcgcac ca 432

<210> 588

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 588

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

<210> 589

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 589

ggtagcgaac cggcaacctc tggctctgaa accccaggta cctctgaaag cgctactccg 60

gaatctggtc caggtacttc tgaaagcgct actccggaat ccggtccagg tacttctccg 120

agcggtgaat cttctaccgc accaggttct actagctcta ccgctgaatc tccgggccca 180

ggtacttctc cgagcggtga atcttctact gctccaggtt ctactagcga atccccgtct 240

ggtactgctc caggtacttc ccctagcggt gaatcttcta ctgctccagg ttctaccagc 300

tctaccgcag aatctccggg tccaggtagc tctactccgt ctggtgcaac cggttcccca 360

ggtagctcta ccccttctgg tgcaaccggc tccccaggta gctctacccc ttctggtgca 420

aactggctct cc 432

<210> 590

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 590

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
35 40 45

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
50 55 60

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Asn Trp Leu Ser
130 135 140

<210> 591

<211> 432

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 591

ggtagccctg ctggctctcc gacttctact gaggaaggta gcccggctgg ttctccgact 60

tctactgagg aaggtacttc taccgaacct tccgaaggta gcgctccagg tacctctact 120

gaaccttccg aaggcagcgc tccaggtacc tctaccgaac cgtccgaggg cagcgcacca 180

ggtacttctg aaagcgcaac ccctgaatcc ggtccaggtg catctcctgg taccagctct 240

accggttctc caggtagctc tactccttct ggtgctactg gctctccagg tgcttccccg 300

ggtaccagct ctaccggttc tccaggtagc tctaccccgt ctggtgctac tggttctcca 360

ggtactccgg gcagcggtac tgcttcttcc tctccaggta gctctacccc ttctggtgct 420

actggctctc ca 432

<210> 592

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 592

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1 5 10 15

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
50 55 60

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
100 105 110
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
115 120 125

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
130 135 140

<210> 593
<211> 432
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 593

ggtagctcta ccccgtctgg tgctactggt tctccaggta ctccgggcag cggtactgct 60
tcttcctctc caggtagctc taccccttct ggtgctactg gctctccagg tagcccggct 120
ggctctccta cctctactga ggaaggtact tctgaaagcg ctactcctga gtctggtcca 180

ggtacctcta ctgaaccgtc cgaaggtagc gctccaggta cctctgaaag cgcaactcct 240
gagtctggcc caggtagcga acctgctacc tccggctctg agactccagg tacctctgaa 300
agcgcaaccc cggaatctgg tccaggtact tctactgaac cgtctgaagg tagcgcacca 360
ggtacttctg aaagcgcaac cccggaatcc ggcccaggta cctctgaaag cgcaaccccg 420
gagtccggcc ca 432

<210> 594
<211> 144
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 594

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1 5 10 15
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
100 105 110
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140
<210> 595
<211> 1469
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 595
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1430 1435 1440
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1445 1450 1455
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1460 1465

<210> 596

<211> 4410

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 596

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccтttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 4320

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 4380

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4410

<210> 597

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 597

Ala Thr Arg Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
20 25 30

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Arg Tyr Tyr
35 40 45

Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly

50 55 60

Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe
65 70 75 80

Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe
85 90 95

```
Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly
            100                 105                 110
Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile

        115                 120                 125
Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly
    130                 135                 140
Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr
145                 150                 155                 160
Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His
                165                 170                 175
Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp

            180                 185                 190
Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys
        195                 200                 205
Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
    210                 215                 220
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu
225                 230                 235                 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn

                245                 250                 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys
            260                 265                 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
        275                 280                 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
    290                 295                 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

305                 310                 315                 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu
                325                 330                 335
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
```

340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met
645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val
705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser
740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe
770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

```
Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1085                 1090                 1095
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1100                 1105                 1110
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1115                 1120                 1125
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile

    1130                 1135                 1140
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1145                 1150                 1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1160                 1165                 1170
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
    1175                 1180                 1185
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr

    1190                 1195                 1200
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1205                 1210                 1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                 1225                 1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1235                 1240                 1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr

    1250                 1255                 1260
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1265                 1270                 1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                 1285                 1290
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1295                 1300                 1305
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
```

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 598

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 598

gccaccagag gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 60

agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 120

acccctgcct cgagcagata ctacctgggt gcagtggaac tgtcatggga ctatatgcaa 180

agtgatctcg gtgagctgcc tgtggacgca agatttcctc ctagagtgcc aaaatctttt 240

ccattcaaca cctcagtcgt gtacaaaaag actctgtttg tagaattcac ggatcacctt 300

ttcaacatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360

gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420

catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

cttttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900
ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020
tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080
caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140
gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260
ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320
gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440
ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500
tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 599
<211> 1514
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 599

Ala Thr Arg Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1 5 10 15

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
20 25 30
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Thr Arg
35 40 45

```
Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser
    50                  55                  60
Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro
65                  70                  75                  80

Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe
                85                  90                  95
Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro
            100                 105                 110
Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr
        115                 120                 125
Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His
    130                 135                 140

Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp
145                 150                 155                 160
Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly
                165                 170                 175
Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met
            180                 185                 190
Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp
        195                 200                 205

Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys
    210                 215                 220
Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe
225                 230                 235                 240
Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu
                245                 250                 255
Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala
            260                 265                 270

Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro
        275                 280                 285
Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly
```

290 295 300

Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr
305 310 315 320

Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile
325 330 335

Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu
340 345 350

Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr
355 360 365

Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn
370 375 380

Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met
385 390 395 400

Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile
405 410 415

Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala
420 425 430

Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp
435 440 445

Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile
450 455 460

Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr
465 470 475 480

Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro
485 490 495

Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn
500 505 510

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val
515 520 525

Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys
530 535 540

Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val
545 550 555 560
Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg
565 570 575
Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu
580 585 590

Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly
595 600 605
Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe
610 615 620
Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu
625 630 635 640
Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser
645 650 655

Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu
660 665 670
Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly
675 680 685
Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys
690 695 700
His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly
705 710 715 720

Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly
725 730 735
Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys
740 745 750
Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
755 760 765
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro
770 775 780

Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu

785 790 795 800

Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp

805 810 815

Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp

820 825 830

Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His

835 840 845

Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

850 855 860

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln

865 870 875 880

Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln

885 890 895

Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro

900 905 910

Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

915 920 925

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

930 935 940

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

945 950 955 960

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro

965 970 975

Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val

980 985 990

Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

995 1000 1005

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1010 1015 1020

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1025 1030 1035

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1040 1045 1050
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1055 1060 1065
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1070 1075 1080
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1085 1090 1095

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1100 1105 1110
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1115 1120 1125
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1130 1135 1140
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1145 1150 1155

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1160 1165 1170
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1175 1180 1185
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1190 1195 1200
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1205 1210 1215

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1220 1225 1230
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1235 1240 1245
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1250 1255 1260
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1265 1270 1275

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1280 1285 1290
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1295 1300 1305
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1310 1315 1320
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1325 1330 1335

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1340 1345 1350
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1355 1360 1365
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1370 1375 1380
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1385 1390 1395

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1400 1405 1410
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1415 1420 1425
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1430 1435 1440
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1445 1450 1455

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1460 1465 1470
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1475 1480 1485
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1490 1495 1500

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 600

<211> 4545

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 600

gccaccagag gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 60

agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 120

acccctgcct cgagcgctac aagaagatac tacctgggtg cagtggaact gtcatgggac 180

tatatgcaaa gtgatctcgg tgagctgcct gtggacgcaa gatttcctcc tagagtgcca 240

aaatcttttc cattcaacac ctcagtcgtg tacaaaaaga ctctgtttgt agaattcacg 300

gatcaccttt tcaacatcgc taagccaagg ccaccctgga tgggtctgct aggtcctacc 360

atccaggctg aggtttatga tacagtggtc attacactta agaacatggc ttcccatcct 420

gtcagtcttc atgctgttgg tgtatcctac tggaaagctt ctgagggagc tgaatatgat 480

gatcagacca gtcaaaggga gaaagaagat gataaagtct tccctggtgg aagccataca 540

tatgtctggc aggtcctgaa agagaatggt ccaatggcct ctgacccact gtgccttacc 600

tactcatatc tttctcatgt ggacctggta aaagacttga attcaggcct cattggagcc 660

ctactagtat gtagagaagg gagtctggcc aaggaaaaga cacagacctt gcacaaattt 720

atactacttt ttgctgtatt tgatgaaggg aaaagttggc actcagaaac aaagaactcc 780

ttgatgcagg atagggatgc tgcatctgct cgggcctggc ctaaaatgca cacagtcaat 840

ggttatgtaa acaggtctct gccaggtctg attggatgcc acaggaaatc agtctattgg 900

catgtgattg gaatgggcac cactcctgaa gtgcactcaa tattcctcga aggtcacaca 960

tttcttgtga ggaaccatcg ccaggctagc ttggaaatct cgccaataac tttccttact 1020

gctcaaacac tcttgatgga ccttggacag tttctactgt tttgtcatat ctcttcccac 1080

caacatgatg gcatggaagc ttatgtcaaa gtagacagct gtccagagga accccaacta 1140

cgaatgaaaa ataatgaaga agcggaagac tatgatgatg atcttactga ttctgaaatg 1200

gatgtggtca ggtttgatga tgacaactct ccttccttta tccaaattcg ctcagttgcc 1260

aagaagcatc ctaaaacttg ggtacattac attgctgctg aagaggagga ctgggactat 1320

gctcccttag tcctcgcccc cgatgacaga agttataaaa gtcaatattt gaacaatggc 1380

cctcagcgga ttggtaggaa gtacaaaaaa gtccgattta tggcatacac agatgaaacc 1440

tttaagactc gtgaagctat tcagcatgaa tcaggaatct tgggaccttt actttatggg 1500

gaagttggag acacactgtt gattatattt aagaatcaag caagcagacc atataacatc 1560

taccctcacg gaatcactga tgtccgtcct ttgtattcaa ggagattacc aaaaggtgta 1620

aaacatttga aggattttcc aattctgcca ggagaaatat tcaaatataa atggacagtg 1680

actgtagaag atgggccaac taaatcagat cctcggtgcc tgacccgcta ttactctagt 1740

ttcgttaata tggagagaga tctagcttca ggactcattg gccctctcct catctgctac 1800

aaagaatctg tagatcaaag aggaaaccag ataatgtcag acaagaggaa tgtcatcctg 1860

ttttctgtat ttgatgagaa ccgaagctgg tacctcacag agaatataca acgctttctc 1920

cccaatccag ctggagtgca gcttgaggat ccagagttcc aagcctccaa catcatgcac 1980

agcatcaatg gctatgtttt tgatagtttg cagttgtcag tttgtttgca tgaggtggca 2040

tactggtaca ttctaagcat tggagcacag actgacttcc tttctgtctt cttctctgga 2100

tataccttca aacacaaaat ggtctatgaa gacacactca ccctattccc attctcagga 2160

gaaactgtct tcatgtcgat ggaaaaccca ggtctatgga ttctggggtg ccacaactca 2220

gactttcgga acagaggcat gaccgcctta ctgaaggttt ctagttgtga caagaacact 2280

ggtgattatt acgaggacag ttatgaagat atttcagcat acttgctgag taaaaacaat 2340

gccattgaac caagaagctt ctctcaaaac ccaccagtct tgaaacgcca tcaacgggaa 2400

ataactcgta ctactcttca gtcagatcaa gaggaaatcg attatgatga taccatatca 2460

gttgaaatga agaaggaaga ttttgacatt tatgatgagg atgaaaatca gagcccccgc 2520

agctttcaaa agaaaacacg acactatttt attgctgcag tggagaggct ctgggattat 2580

gggatgagta gctccccaca tgttctaaga aacagggctc agagtggcag tgtccctcag 2640

ttcaagaaag ttgttttcca ggaatttact gatggctcct ttactcagcc cttataccgt 2700

ggagaactaa atgaacattt gggactcctg gggccatata taagagcaga agttgaagat 2760

aatatcatgg taactttcag aaatcaggcc tctcgtccct attccttcta ttctagcctt 2820

atttcttatg aggaagatca gaggcaagga gcagaaccta gaaaaaactt tgtcaagcct 2880

aatgaaacca aaacttactt ttggaaagtg caacatcata tggcacccac taaagatgag 2940

tttgactgca aagcctgggc ttatttctct gatgttgacc tggaaaaaga tgtgcactca 3000

ggcctgattg gaccccttct ggtctgccac actaacacac tgaaccctgc tcatgggaga 3060

caagtgacag tacaggaatt tgctctgttt ttcaccatct ttgatgagac caaaagctgg 3120

tacttcactg aaaatatgga aagaaactgc agggctccct gcaatatcca gatggaagat 3180

cccactttta aagagaatta tcgcttccat gcaatcaatg gctacataat ggatacacta 3240

cctggcttag taatggctca ggatcaaagg attcgatggt atctgctcag catgggcagc 3300
aatgaaaaca tccattctat tcatttcagt ggacatgtgt tcactgtacg aaaaaaagag 3360
gagtataaaa tggcactgta caatctctat ccaggtgttt ttgagacagt ggaaatgtta 3420
ccatccaaag ctggaatttg gcgggtggaa tgccttattg gcgagcatct acatgctggg 3480
atgagcacac tttttctggt gtacagcaat aagtgtcaga ctcccctggg aatggcttct 3540
ggacacatta gagattttca gattacagct tcaggacaat atggacagtg ggccccaaag 3600
ctggccagac ttcattattc cggatcaatc aatgcctgga gcaccaagga gccctttct 3660

tggatcaagg tggatctgtt ggcaccaatg attattcacg gcatcaagac ccagggtgcc 3720
cgtcagaagt tctccagcct ctacatctct cagtttatca tcatgtatag tcttgatggg 3780
aagaagtggc agacttatcg aggaaattcc actggaacct taatggtctt ctttggcaat 3840
gtggattcat ctgggataaa acacaatatt tttaaccctc caattattgc tcgatacatc 3900
cgtttgcacc caactcatta tagcattcgc agcactcttc gcatggagtt gatgggctgt 3960
gatttaaata gttgcagcat gccattggga atggagagta aagcaatatc agatgcacag 4020
attactgctt catcctactt taccaatatg tttgccacct ggtctccttc aaaagctcga 4080

cttcacctcc aagggaggag taatgcctgg agacctcagg tgaataatcc aaaagagtgg 4140
ctgcaagtgg acttccagaa gacaatgaaa gtcacaggag taactactca gggagtaaaa 4200
tctctgctta ccagcatgta tgtgaaggag ttcctcatct ccagcagtca agatggccat 4260
cagtggactc tctttttca gaatggcaaa gtaaaggttt ttcagggaaa tcaagactcc 4320
ttcacacctg tggtgaactc tctagaccca ccgttactga ctcgctacct tcgaattcac 4380
ccccagagtt gggtgcacca gattgccctg aggatggagg ttctgggctg cgaggcacag 4440
gacctctacg gcgccggatc acctggggcc gaaacggccg aacaaaaact catctcagaa 4500

gaggatctgt cacctgcaac cggtcatcat caccatcacc attga 4545

<210> 601
<211> 1511
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 601
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

20 25 30

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

35 40 45

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly

50 55 60

Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe

65 70 75 80

Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe

85 90 95

Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly

100 105 110

Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile

115 120 125

Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly

130 135 140

Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr

145 150 155 160

Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His

165 170 175

Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp

180 185 190

Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys

195 200 205

Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly

210 215 220

Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu

225 230 235 240

Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn

245 250 255

Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys
260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu
325 330 335
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365
Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu
370 375 380
Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val
385 390 395 400
Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val
405 410 415
Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430
Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser
435 440 445
Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys
450 455 460
Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr
465 470 475 480
Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495
Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe
770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 602

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 602

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg 120

cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc 180

agtgatctcg gtgagctgcc tgtggacgca agatttcctc ctagagtgcc aaaatctttt 240

ccattcaaca cctcagtcgt gtacaaaaag actctgtttg tagaattcac ggatcacctt 300

ttcaacatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360

gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420

catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctcccttа 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggacccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 603

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 603

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

20 25 30

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser

50 55 60

Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe

65 70 75 80

Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe

85 90 95

Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly

100 105 110

Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile

115 120 125

Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly

130 135 140

Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr

145 150 155 160

Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His

165 170 175

Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp

180 185 190

Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys

195 200 205

Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly

210 215 220

Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu

225 230 235 240

Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn

245 250 255

Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270

Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile

275 280 285

Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300

Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

305 310 315 320

Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys

340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr
465 470 475 480
Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr
485 490 495
Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
500 505 510
Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525
Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
530 535 540
Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu
545 550 555 560
Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
565 570 575
Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590
Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 604
<211> 4536
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 604
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 120
gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 180
cctgcctcga gcgagctgcc tgtggacgca agatttcctc ctagagtgcc aaaatctttt 240
ccattcaaca cctcagtcgt gtacaaaaag actctgtttg tagaattcac ggatcacctt 300

ttcaacatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360
gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420
catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480
agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540
caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600
ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660
tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggacccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 605

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 605

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Pro
20 25 30

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
35 40 45

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
50 55 60

Pro Ala Ser Ser Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe
65 70 75 80

Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe
85 90 95

Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly
100 105 110

Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile
115 120 125

Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly
130 135 140

Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr
145 150 155 160

Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His
165 170 175

Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp
180 185 190
Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys
195 200 205
Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
210 215 220
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu

225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
245 250 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys
260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu
325 330 335
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365
Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu
370 375 380
Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val
385 390 395 400
Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val
405 410 415
Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1205 1210 1215
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1220 1225 1230
Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1250 1255 1260
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1265 1270 1275
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290
Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 606

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 606

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggt tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa 120

gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag agtggccctg gctctgagcc agccacctcc 180

ggctctgaaa cccctgcctc gagcgacgca agatttcctc ctagagtgcc aaaatctttt 240

ccattcaaca cctcagtcgt gtacaaaaag actctgtttg tagaattcac ggatcacctt 300

ttcaacatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360

gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420

catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 607

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 607

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

35 40 45

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

50 55 60

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala

65 70 75 80

Ser Ser Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe

85 90 95

Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly

100 105 110

Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile

115 120 125

Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly

130 135 140

Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr
145 150 155 160
Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His
165 170 175
Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp
180 185 190
Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys

195 200 205

Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
210 215 220
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu
225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
245 250 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270

Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val
355 360 365
Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser
740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1220 1225 1230
Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1235 1240 1245
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1250 1255 1260
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290
Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 608

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 608

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc 180

gctacgcctg agagtggccc tggctctgag ccagccacct ccggctctga aacccctgcc 240

tcgagcaaca cctcagtcgt gtacaaaaag actctgtttg tagaattcac ggatcacctt 300

ttcaacatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360

gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420

catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040
attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100
aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160
ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220
aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280
tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340
ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460
aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520
aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580
agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640
gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700
aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760
gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180
aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420
gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480
ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 609

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 609

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Gly Ala Pro Gly
50 55 60

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
65 70 75 80

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
85 90 95
Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly

100 105 110
Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile
115 120 125
Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly
130 135 140
Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr
145 150 155 160
Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His

165 170 175
Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp
180 185 190
Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys
195 200 205
Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
210 215 220
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu

225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
245 250 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys
260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys

340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro
580 585 590
Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met
645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val
705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe
770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

```
Ile Asn  Gly Tyr Ile Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala
    1070                1075                1080
Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1085                1090                1095
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1100                1105                1110
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro

    1115                1120                1125
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1130                1135                1140
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1145                1150                1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1160                1165                1170
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser

    1175                1180                1185
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1190                1195                1200
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1205                1210                1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                1225                1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln

    1235                1240                1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1250                1255                1260
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1265                1270                1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                1285                1290
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
```

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 610

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 610

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc 240

gctacgcctg agagtggccc tggctctgag ccagccacct ccggctctga aacccctgcc 300

tcgagcatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360

gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420

catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

cttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960
agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020
tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080
caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140
gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260
ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440
ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500
tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 611

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 611

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

130 135 140

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Gln Thr

145 150 155 160

Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His

165 170 175

Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp

180 185 190

Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys

195 200 205

Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly

210 215 220

Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu

225 230 235 240

Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn

245 250 255

Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270

Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile

275 280 285

Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300

Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

305 310 315 320

Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys

340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 612

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 612

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatgg cgcgccaggt 360

tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 420

agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagccagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 613

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 613

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
130 135 140
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
145 150 155 160
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Gly Gly Ser His

165 170 175
Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp
180 185 190
Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys
195 200 205
Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
210 215 220
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu

225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn

245 250 255

Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270

Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile

275 280 285

Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300

Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

305 310 315 320

Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys

340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
500 505 510
Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu
515 520 525
Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
530 535 540
Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560
Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
565 570 575
Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro
580 585 590
Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met
645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val
705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 614

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 614

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc 420

acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc gctacgcctg agagtggccc tggctctgag 480

ccagccacct ccggctctga aacccctgcc tcgagcggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctcccttа 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 615

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 615

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Gly Ala Pro Gly

180 185 190

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

195 200 205

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
210 215 220
Glu Thr Pro Ala Ser Ser Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu
225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
245 250 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val
355 360 365
Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu
370 375 380
Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400
Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val
405 410 415
Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu
420 425 430
Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser
435 440 445
Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

```
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705                 710                 715                 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
                725                 730                 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser
            740                 745                 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
        755                 760                 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

    770                 775                 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785                 790                 795                 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
                805                 810                 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
            820                 825                 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

        835                 840                 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
    850                 855                 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865                 870                 875                 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
                885                 890                 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

            900                 905                 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
        915                 920                 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
    930                 935                 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
```

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 616

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 616

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 600

acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 660

acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780
gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840
aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900
ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960
aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020
ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080
ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200
aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260
cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320
gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380
attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440
cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500
gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620
aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680
gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740
atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800
gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860
tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920
gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040
attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100
aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160
ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220
aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280
tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340
ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 617

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 617

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

210 215 220

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

225 230 235 240

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala

245 250 255

Ser Ser Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270

Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile

275 280 285

Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr

290 295 300

Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

305 310 315 320

Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys

340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val
705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe
770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

```
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1145                1150                1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1160                1165                1170
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser

    1175                1180                1185
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1190                1195                1200
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1205                1210                1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                1225                1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln

    1235                1240                1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1250                1255                1260
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1265                1270                1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                1285                1290
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser

    1295                1300                1305
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1310                1315                1320
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1325                1330                1335
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1340                1345                1350
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg

    1355                1360                1365
Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
```

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 618

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 618

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttggg cgcgccaggt 660

tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 720

agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagcatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctcccttа 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280
tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340
ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400
actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460
aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520
aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580
agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700
aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760
gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820
gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggacccctc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180
aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240
gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420
gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 619

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 619

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
225 230 235 240
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
245 250 255
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser

260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser
740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

```
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1100                1105                1110
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1115                1120                1125
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1130                1135                1140
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met

    1145                1150                1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1160                1165                1170
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
    1175                1180                1185
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1190                1195                1200
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp

    1205                1210                1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                1225                1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1235                1240                1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1250                1255                1260
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val

    1265                1270                1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                1285                1290
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1295                1300                1305
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1310                1315                1320
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
```

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 620

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 620

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc 720

acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc gctacgcctg agagtggccc tggctctgag 780

ccagccacct ccggctctga aacccctgcc tcgagcatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900
ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960
agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020
tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140
gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260
ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320
gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440
ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 621
<211> 1514
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 621

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gly Ala Pro

325 330 335

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

340 345 350

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

355 360 365

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Val Gln Leu Gln Leu Arg Met Lys Asn

370 375 380

Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met

385 390 395 400

Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile

405 410 415

Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala

420 425 430

Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp

435 440 445

Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile

450 455 460

Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr

465 470 475 480

Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro

485 490 495

Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn

500 505 510

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val

515 520 525

Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys

530 535 540

Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val

545 550 555 560

Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg
565 570 575
Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu
580 585 590
Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly
595 600 605
Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe

610 615 620
Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu
625 630 635 640
Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser
645 650 655
Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu
660 665 670
Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly

675 680 685
Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys
690 695 700
His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly
705 710 715 720
Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly
725 730 735
Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys

740 745 750
Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
755 760 765
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro
770 775 780
Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu
785 790 795 800
Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp

805 810 815

Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp

820 825 830

Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His

835 840 845

Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

850 855 860

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln

865 870 875 880

Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln

885 890 895

Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro

900 905 910

Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

915 920 925

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

930 935 940

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

945 950 955 960

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro

965 970 975

Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val

980 985 990

Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

995 1000 1005

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1010 1015 1020

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1025 1030 1035

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1040 1045 1050

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1055 1060 1065

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1070 1075 1080

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1085 1090 1095

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1100 1105 1110

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1115 1120 1125

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1130 1135 1140

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1145 1150 1155

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1160 1165 1170

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1175 1180 1185

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1190 1195 1200

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1205 1210 1215

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1220 1225 1230

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1235 1240 1245

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1250 1255 1260

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1265 1270 1275

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1280 1285 1290

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1295 1300 1305

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1310 1315 1320

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1325 1330 1335

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1340 1345 1350

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1355 1360 1365

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1370 1375 1380

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1385 1390 1395

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1400 1405 1410

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1415 1420 1425

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1430 1435 1440

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1445 1450 1455

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1460 1465 1470

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1475 1480 1485

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1490 1495 1500

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 622

<211> 4545

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 622

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccg gcgcgccagg ttctcctgct 1020

ggctccccca cctcaacaga agaggggaca agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct 1080

ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa acccctgcct cgagcgtgca acttcaacta 1140

cgaatgaaaa ataatgaaga agcggaagac tatgatgatg atcttactga ttctgaaatg 1200

gatgtggtca ggtttgatga tgacaactct ccttccttta tccaaattcg ctcagttgcc 1260

aagaagcatc ctaaaacttg ggtacattac attgctgctg aagaggagga ctgggactat 1320

gctcccttag tcctcgcccc cgatgacaga agttataaaa gtcaatattt gaacaatggc 1380

cctcagcgga ttggtaggaa gtacaaaaaa gtccgattta tggcatacac agatgaaacc 1440

tttaagactc gtgaagctat tcagcatgaa tcaggaatct tgggaccttt actttatggg 1500

gaagttggag acacactgtt gattatattt aagaatcaag caagcagacc atataacatc 1560

taccctcacg gaatcactga tgtccgtcct ttgtattcaa ggagattacc aaaaggtgta 1620

aaacatttga aggattttcc aattctgcca ggagaaatat tcaaatataa atggacagtg 1680

actgtagaag atgggccaac taaatcagat cctcggtgcc tgacccgcta ttactctagt 1740

ttcgttaata tggagagaga tctagcttca ggactcattg gccctctcct catctgctac 1800

aaagaatctg tagatcaaag aggaaaccag ataatgtcag acaagaggaa tgtcatcctg 1860

ttttctgtat ttgatgagaa ccgaagctgg tacctcacag agaatataca acgctttctc 1920

cccaatccag ctggagtgca gcttgaggat ccagagttcc aagcctccaa catcatgcac 1980

agcatcaatg gctatgtttt tgatagtttg cagttgtcag tttgtttgca tgaggtggca 2040

tactggtaca ttctaagcat tggagcacag actgacttcc tttctgtctt cttctctgga 2100

tataccttca aacacaaaat ggtctatgaa gacacactca ccctattccc attctcagga 2160

gaaactgtct tcatgtcgat ggaaaaccca ggtctatgga ttctggggtg ccacaactca 2220

gactttcgga acagaggcat gaccgcctta ctgaaggttt ctagttgtga caagaacact 2280

ggtgattatt acgaggacag ttatgaagat atttcagcat acttgctgag taaaaacaat 2340

gccattgaac caagaagctt ctctcaaaac ccaccagtct tgaaacgcca tcaacgggaa 2400

ataactcgta ctactcttca gtcagatcaa gaggaaatcg attatgatga taccatatca 2460

gttgaaatga agaaggaaga ttttgacatt tatgatgagg atgaaaatca gagcccccgc 2520

agctttcaaa agaaaacacg acactatttt attgctgcag tggagaggct ctgggattat 2580

gggatgagta gctccccaca tgttctaaga aacagggctc agagtggcag tgtccctcag 2640

ttcaagaaag ttgttttcca ggaatttact gatggctcct ttactcagcc cttataccgt 2700

ggagaactaa atgaacattt gggactcctg gggccatata taagagcaga agttgaagat 2760

aatatcatgg taactttcag aaatcaggcc tctcgtccct attccttcta ttctagcctt 2820

atttcttatg aggaagatca gaggcaagga gcagaaccta gaaaaaactt tgtcaagcct 2880

aatgaaacca aaacttactt ttggaaagtg caacatcata tggcacccac taaagatgag 2940

tttgactgca aagcctgggc ttatttctct gatgttgacc tggaaaaaga tgtgcactca 3000

ggcctgattg gaccccttct ggtctgccac actaacacac tgaaccctgc tcatgggaga 3060

caagtgacag tacaggaatt tgctctgttt ttcaccatct ttgatgagac caaaagctgg 3120

tacttcactg aaaatatgga aagaaactgc agggctccct gcaatatcca gatggaagat 3180

cccactttta aagagaatta tcgcttccat gcaatcaatg gctacataat ggatacacta 3240

cctggcttag taatggctca ggatcaaagg attcgatggt atctgctcag catgggcagc 3300

aatgaaaaca tccattctat tcatttcagt ggacatgtgt tcactgtacg aaaaaaagag 3360

gagtataaaa tggcactgta caatctctat ccaggtgttt ttgagacagt ggaaatgtta 3420

ccatccaaag ctggaatttg gcgggtggaa tgccttattg gcgagcatct acatgctggg 3480

atgagcacac tttttctggt gtacagcaat aagtgtcaga ctcccctggg aatggcttct 3540

ggacacatta gagattttca gattacagct tcaggacaat atggacagtg ggccccaaag 3600

ctggccagac ttcattattc cggatcaatc aatgcctgga gcaccaagga gccctttct 3660

tggatcaagg tggatctgtt ggcaccaatg attattcacg gcatcaagac ccagggtgcc 3720

cgtcagaagt tctccagcct ctacatctct cagtttatca tcatgtatag tcttgatggg 3780

aagaagtggc agacttatcg aggaaattcc actggaacct taatggtctt ctttggcaat 3840

gtggattcat ctgggataaa acacaatatt tttaaccctc caattattgc tcgatacatc 3900

cgtttgcacc caactcatta tagcattcgc agcactcttc gcatggagtt gatgggctgt 3960

gatttaaata gttgcagcat gccattggga atggagagta aagcaatatc agatgcacag 4020

attactgctt catcctactt taccaatatg tttgccacct ggtctccttc aaaagctcga 4080

cttcacctcc aagggaggag taatgcctgg agacctcagg tgaataatcc aaaagagtgg 4140

ctgcaagtgg acttccagaa gacaatgaaa gtcacaggag taactactca gggagtaaaa 4200

tctctgctta ccagcatgta tgtgaaggag ttcctcatct ccagcagtca agatggccat 4260

cagtggactc tctttttca gaatggcaaa gtaaaggttt ttcagggaaa tcaagactcc 4320

ttcacacctg tggtgaactc tctagaccca ccgttactga ctcgctacct tcgaattcac 4380

ccccagagtt gggtgcacca gattgccctg aggatggagg ttctgggctg cgaggcacag 4440

gacctctacg gcgccggatc acctggggcc gaaacggccg aacaaaaact catctcagaa 4500

gaggatctgt cacctgcaac cggtcatcat caccatcacc attga 4545

<210> 623

<211> 1514

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 623

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Ser Val Ala Gly Ala Pro Gly Ser Pro
370 375 380

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
385 390 395 400

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
405 410 415

Pro Ala Ser Ser Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala
420 425 430

Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp
435 440 445

Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile
450 455 460

Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr
465 470 475 480

Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro
485 490 495

Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn
500 505 510

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val

515 520 525

Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys

530 535 540

Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val

545 550 555 560

Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg

565 570 575

Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu

580 585 590

Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly

595 600 605

Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe

610 615 620

Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu

625 630 635 640

Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser

645 650 655

Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu

660 665 670

Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly

675 680 685

Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys

690 695 700

His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly

705 710 715 720

Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly

725 730 735

Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys

740 745 750

Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

755 760 765

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro
770 775 780
Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu
785 790 795 800
Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp
805 810 815
Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp
820 825 830

Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His
835 840 845
Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
850 855 860
Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln
865 870 875 880
Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln
885 890 895

Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro
900 905 910
Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn
915 920 925
Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu
930 935 940
Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
945 950 955 960

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro
965 970 975
Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val
980 985 990
Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
995 1000 1005
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1010 1015 1020

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1025 1030 1035
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1040 1045 1050
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1055 1060 1065
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1070 1075 1080

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1085 1090 1095
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1100 1105 1110
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1115 1120 1125
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1130 1135 1140

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1145 1150 1155
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1160 1165 1170
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1175 1180 1185
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1190 1195 1200

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1205 1210 1215
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1220 1225 1230
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1235 1240 1245

```
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1250                1255                1260

Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1265                1270                1275
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1280                1285                1290
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1295                1300                1305
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1310                1315                1320

Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1325                1330                1335
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1340                1345                1350
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1355                1360                1365
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1370                1375                1380

Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1385                1390                1395
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1400                1405                1410
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1415                1420                1425
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1430                1435                1440

Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1445                1450                1455
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1460                1465                1470
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Gly Ser Pro
```

1475 1480 1485

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1490 1495 1500

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 624

<211> 4545

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 624

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgcctctgt agcaggcgcg 1140

ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg 1200

cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc 1260

aagaagcatc ctaaaacttg ggtacattac attgctgctg aagaggagga ctgggactat 1320

gctcccttag tcctcgcccc cgatgacaga agttataaaa gtcaatattt gaacaatggc 1380

cctcagcgga ttggtaggaa gtacaaaaaa gtccgattta tggcatacac agatgaaacc 1440

tttaagactc gtgaagctat tcagcatgaa tcaggaatct tgggaccttt actttatggg 1500

gaagttggag acacactgtt gattatattt aagaatcaag caagcagacc atataacatc 1560

taccctcacg gaatcactga tgtccgtcct ttgtattcaa ggagattacc aaaaggtgta 1620

aaacatttga aggattttcc aattctgcca ggagaaatat tcaaatataa atggacagtg 1680

actgtagaag atgggccaac taaatcagat cctcggtgcc tgacccgcta ttactctagt 1740

ttcgttaata tggagagaga tctagcttca ggactcattg gccctctcct catctgctac 1800

aaagaatctg tagatcaaag aggaaaccag ataatgtcag acaagaggaa tgtcatcctg 1860

ttttctgtat ttgatgagaa ccgaagctgg tacctcacag agaatataca acgctttctc 1920

cccaatccag ctggagtgca gcttgaggat ccagagttcc aagcctccaa catcatgcac 1980

agcatcaatg gctatgtttt tgatagtttg cagttgtcag tttgtttgca tgaggtggca 2040

tactggtaca ttctaagcat tggagcacag actgacttcc tttctgtctt cttctctgga 2100

tataccttca aacacaaaat ggtctatgaa gacacactca ccctattccc attctcagga 2160

gaaactgtct tcatgtcgat ggaaaaccca ggtctatgga ttctggggtg ccacaactca 2220

gactttcgga acagaggcat gaccgcctta ctgaaggttt ctagttgtga caagaacact 2280

ggtgattatt acgaggacag ttatgaagat atttcagcat acttgctgag taaaaacaat 2340

gccattgaac caagaagctt ctctcaaaac ccaccagtct tgaaacgcca tcaacgggaa 2400

ataactcgta ctactcttca gtcagatcaa gaggaaatcg attatgatga taccatatca 2460

gttgaaatga agaaggaaga ttttgacatt tatgatgagg atgaaaatca gagcccccgc 2520

agctttcaaa agaaaacacg acactatttt attgctgcag tggagaggct ctgggattat 2580

gggatgagta gctccccaca tgttctaaga aacagggctc agagtggcag tgtccctcag 2640

ttcaagaaag ttgttttcca ggaatttact gatggctcct ttactcagcc cttataccgt 2700

ggagaactaa atgaacattt gggactcctg gggccatata taagagcaga agttgaagat 2760

aatatcatgg taactttcag aaatcaggcc tctcgtccct attccttcta ttctagcctt 2820

atttcttatg aggaagatca gaggcaagga gcagaaccta gaaaaaactt tgtcaagcct 2880

aatgaaacca aaacttactt ttggaaagtg caacatcata tggcacccac taaagatgag 2940

tttgactgca aagcctgggc ttatttctct gatgttgacc tggaaaaaga tgtgcactca 3000

ggcctgattg gaccccttct ggtctgccac actaacacac tgaaccctgc tcatgggaga 3060

caagtgacag tacaggaatt tgctctgttt ttcaccatct ttgatgagac caaaagctgg 3120

tacttcactg aaaatatgga aagaaactgc agggctccct gcaatatcca gatggaagat 3180

cccactttta aagagaatta tcgcttccat gcaatcaatg gctacataat ggatacacta 3240

cctggcttag taatggctca ggatcaaagg attcgatggt atctgctcag catgggcagc 3300

aatgaaaaca tccattctat tcatttcagt ggacatgtgt tcactgtacg aaaaaaagag 3360

gagtataaaa tggcactgta caatctctat ccaggtgttt ttgagacagt ggaaatgtta 3420

ccatccaaag ctggaatttg gcgggtggaa tgccttattg gcgagcatct acatgctggg 3480

atgagcacac tttttctggt gtacagcaat aagtgtcaga ctcccctggg aatggcttct 3540

ggacacatta gagattttca gattacagct tcaggacaat atggacagtg ggccccaaag 3600

ctggccagac ttcattattc cggatcaatc aatgcctgga gcaccaagga gccctttct 3660

tggatcaagg tggatctgtt ggcaccaatg attattcacg gcatcaagac ccagggtgcc 3720

cgtcagaagt tctccagcct ctacatctct cagtttatca tcatgtatag tcttgatggg 3780

aagaagtggc agacttatcg aggaaattcc actggaacct taatggtctt ctttggcaat 3840

gtggattcat ctgggataaa acacaatatt tttaaccctc caattattgc tcgatacatc 3900

cgtttgcacc caactcatta tagcattcgc agcactcttc gcatggagtt gatgggctgt 3960

gatttaaata gttgcagcat gccattggga atggagagta aagcaatatc agatgcacag 4020

attactgctt catcctactt taccaatatg tttgccacct ggtctccttc aaaagctcga 4080

cttcacctcc aagggaggag taatgcctgg agacctcagg tgaataatcc aaaagagtgg 4140

ctgcaagtgg acttccagaa gacaatgaaa gtcacaggag taactactca gggagtaaaa 4200

tctctgctta ccagcatgta tgtgaaggag ttcctcatct ccagcagtca agatggccat 4260

cagtggactc tctttttca gaatggcaaa gtaaaggttt ttcagggaaa tcaagactcc 4320

ttcacacctg tggtgaactc tctagaccca ccgttactga ctcgctacct tcgaattcac 4380

ccccagagtt gggtgcacca gattgccctg aggatggagg ttctgggctg cgaggcacag 4440

gacctctacg gcgccggatc acctggggcc gaaacggccg aacaaaaact catctcagaa 4500

gaggatctgt cacctgcaac cggtcatcat caccatcacc attga 4545

<210> 625

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 625

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
```

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

405 410 415

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr
485 490 495
Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
500 505 510
Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu
515 520 525
Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu
545 550 555 560
Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
565 570 575
Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro
580 585 590
Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met
645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val
705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser
740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe
770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 626

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 626

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 1260
agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 1320

acccctgcct cgagcgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380
attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440
cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500
gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560
ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620
aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680
gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800
gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860
tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920
gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980
ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040
attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100
aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220
aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280
tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340
ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400
actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460
aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520
aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 627

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 627

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gly Ala Pro Gly Ser Pro
435 440 445

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480

Pro Ala Ser Ser Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr
485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu
515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu
545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro
580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met
645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 628

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 628

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 1380

gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 1440

cctgcctcga gccagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400
actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460
aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520
aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580
agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640
gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700
aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820
gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240
gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420
gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480
ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900
ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960
agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 629

<211> 1514

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 629

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Ala Pro
485 490 495

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
500 505 510

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
515 520 525

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys
530 535 540

Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val
545 550 555 560

Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg
565 570 575

Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu
580 585 590

Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly
595 600 605

Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe
610 615 620

Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu
625 630 635 640
Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser
645 650 655
Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu
660 665 670

Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly
675 680 685
Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys
690 695 700
His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly
705 710 715 720
Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly
725 730 735

Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys
740 745 750
Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
755 760 765
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro
770 775 780
Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu
785 790 795 800

Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp
805 810 815
Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp
820 825 830
Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His
835 840 845
Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
850 855 860

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln

865 870 875 880

Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln

885 890 895

Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro

900 905 910

Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

915 920 925

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

930 935 940

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

945 950 955 960

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro

965 970 975

Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val

980 985 990

Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

995 1000 1005

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1010 1015 1020

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1025 1030 1035

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1040 1045 1050

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1055 1060 1065

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1070 1075 1080

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1085 1090 1095

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1100 1105 1110

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1115 1120 1125
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1130 1135 1140
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1145 1150 1155
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1160 1165 1170

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1175 1180 1185
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1190 1195 1200
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1205 1210 1215
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1220 1225 1230

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1235 1240 1245
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1250 1255 1260
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1265 1270 1275
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1280 1285 1290

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1295 1300 1305
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1310 1315 1320
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1325 1330 1335
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1340 1345 1350

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1355 1360 1365
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1370 1375 1380
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1385 1390 1395
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1400 1405 1410

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1415 1420 1425
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1430 1435 1440
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1445 1450 1455
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1460 1465 1470

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1475 1480 1485
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1490 1495 1500
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 630
<211> 4545
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 630

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ctccctaaag gcgcgccagg ttctcctgct 1500

ggctccccca cctcaacaga agaggggaca agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct 1560

ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa acccctgcct cgagcttacc aaaaggtgta 1620

aaacatttga aggattttcc aattctgcca ggagaaatat tcaaatataa atggacagtg 1680

actgtagaag atgggccaac taaatcagat cctcggtgcc tgacccgcta ttactctagt 1740

ttcgttaata tggagagaga tctagcttca ggactcattg gccctctcct catctgctac 1800

aaagaatctg tagatcaaag aggaaaccag ataatgtcag acaagaggaa tgtcatcctg 1860

ttttctgtat ttgatgagaa ccgaagctgg tacctcacag agaatataca acgctttctc 1920

cccaatccag ctggagtgca gcttgaggat ccagagttcc aagcctccaa catcatgcac 1980

agcatcaatg gctatgtttt tgatagtttg cagttgtcag tttgtttgca tgaggtggca 2040

tactggtaca ttctaagcat tggagcacag actgacttcc tttctgtctt cttctctgga 2100

tataccttca aacacaaaat ggtctatgaa gacacactca ccctattccc attctcagga 2160

gaaactgtct tcatgtcgat ggaaaaccca ggtctatgga ttctggggtg ccacaactca 2220

gactttcgga acagaggcat gaccgcctta ctgaaggttt ctagttgtga caagaacact 2280

ggtgattatt acgaggacag ttatgaagat atttcagcat acttgctgag taaaaacaat 2340

gccattgaac caagaagctt ctctcaaaac ccaccagtct tgaaacgcca tcaacgggaa 2400

ataactcgta ctactcttca gtcagatcaa gaggaaatcg attatgatga taccatatca 2460

gttgaaatga agaaggaaga ttttgacatt tatgatgagg atgaaaatca gagcccccgc 2520

agctttcaaa agaaaacacg acactatttt attgctgcag tggagaggct ctgggattat 2580

gggatgagta gctccccaca tgttctaaga aacagggctc agagtggcag tgtccctcag 2640

ttcaagaaag ttgttttcca ggaatttact gatggctcct ttactcagcc cttataccgt 2700

ggagaactaa atgaacattt gggactcctg gggccatata taagagcaga agttgaagat 2760

aatatcatgg taactttcag aaatcaggcc tctcgtccct attccttcta ttctagcctt 2820

atttcttatg aggaagatca gaggcaagga gcagaaccta gaaaaaactt tgtcaagcct 2880

aatgaaacca aaacttactt ttggaaagtg caacatcata tggcacccac taaagatgag 2940

tttgactgca aagcctgggc ttatttctct gatgttgacc tggaaaaaga tgtgcactca 3000

ggcctgattg gaccccttct ggtctgccac actaacacac tgaaccctgc tcatgggaga 3060

caagtgacag tacaggaatt tgctctgttt ttcaccatct ttgatgagac caaaagctgg 3120

tacttcactg aaaatatgga aagaaactgc agggctccct gcaatatcca gatggaagat 3180

cccacttta aagagaatta tcgcttccat gcaatcaatg gctacataat ggatacacta 3240

cctggcttag taatggctca ggatcaaagg attcgatggt atctgctcag catgggcagc 3300

aatgaaaaca tccattctat tcatttcagt ggacatgtgt tcactgtacg aaaaaaagag 3360

gagtataaaa tggcactgta caatctctat ccaggtgttt ttgagacagt ggaaatgtta 3420

ccatccaaag ctggaatttg gcgggtggaa tgccttattg gcgagcatct acatgctggg 3480

atgagcacac tttttctggt gtacagcaat aagtgtcaga ctcccctggg aatggcttct 3540

ggacacatta gagattttca gattacagct tcaggacaat atggacagtg ggccccaaag 3600

ctggccagac ttcattattc cggatcaatc aatgcctgga gcaccaagga gccctttct 3660

tggatcaagg tggatctgtt ggcaccaatg attattcacg gcatcaagac ccagggtgcc 3720

cgtcagaagt tctccagcct ctacatctct cagtttatca tcatgtatag tcttgatggg 3780

aagaagtggc agacttatcg aggaaattcc actggaacct taatggtctt ctttggcaat 3840
gtggattcat ctgggataaa acacaatatt tttaaccctc caattattgc tcgatacatc 3900
cgtttgcacc caactcatta tagcattcgc agcactcttc gcatggagtt gatgggctgt 3960
gatttaaata gttgcagcat gccattggga atggagagta aagcaatatc agatgcacag 4020
attactgctt catcctactt taccaatatg tttgccacct ggtctccttc aaaagctcga 4080
cttcacctcc aagggaggag taatgcctgg agacctcagg tgaataatcc aaaagagtgg 4140
ctgcaagtgg acttccagaa gacaatgaaa gtcacaggag taactactca gggagtaaaa 4200

tctctgctta ccagcatgta tgtgaaggag ttcctcatct ccagcagtca agatggccat 4260
cagtggactc tctttttca gaatggcaaa gtaaaggttt ttcagggaaa tcaagactcc 4320
ttcacacctg tggtgaactc tctagaccca ccgttactga ctcgctacct tcgaattcac 4380
ccccagagtt gggtgcacca gattgccctg aggatggagg ttctgggctg cgaggcacag 4440
gacctctacg gcgccggatc acctggggcc gaaacggccg aacaaaaact catctcagaa 4500
gaggatctgt cacctgcaac cggtcatcat caccatcacc attga 4545

<210> 631

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 631

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

515 520 525

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 632

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 632

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaaggcgcg 1560

ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg 1620

cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 633

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 633

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

595 600 605

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

610 615 620

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser

625 630 635 640

Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1220 1225 1230
Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1235 1240 1245
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290
Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410
Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 634

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 634

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctggc 1800

gcgccaggtt ctcctgctgg ctcccccacc tcaacagaag aggggacaag cgaaagcgct 1860

acgcctgaga gtggccctgg ctctgagcca gccacctccg gctctgaaac ccctgcctcg 1920

agcggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 635

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 635

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
705 710 715 720

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
725 730 735

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

740 745 750

Ala Ser Ser Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe
770 775 780
Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1205 1210 1215
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 636

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 636

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaagg gcgcgccagg ttctcctgct 2160

ggctccccca cctcaacaga agaggggaca agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct 2220

ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa acccctgcct cgagcaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 637

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 637

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 638

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 638

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaacggga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 639

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 639

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
770 775 780
Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

```
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1145                1150                1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1160                1165                1170
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser

    1175                1180                1185
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1190                1195                1200
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1205                1210                1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                1225                1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln

    1235                1240                1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1250                1255                1260
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1265                1270                1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                1285                1290
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser

    1295                1300                1305
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1310                1315                1320
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1325                1330                1335
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1340                1345                1350
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg

    1355                1360                1365
Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
```

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 640

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 640

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280
gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340
tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400
actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460
aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520
aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580
agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700
aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760
gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820
gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggacccctc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180
aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240
gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420
gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 641

<211> 1763

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 641

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
740 745 750
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
755 760 765
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
785 790 795 800
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
805 810 815
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
820 825 830
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1730 1735 1740

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1745 1750 1755

His His His His His

1760

<210> 642

<211> 5292

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 642

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220

acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280

catcaccatt ga 5292

<210> 643

<211> 1763

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 643

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu

740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

755 760 765

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

785 790 795 800

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1670 1675 1680
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1685 1690 1695
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu
1730 1735 1740
Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His
1745 1750 1755
His His His His His
1760

<210> 644
<211> 5292
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 644
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280
ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccaccccct 2340
gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400
agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460
gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580
tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640
ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700
ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760
agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820
gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880
tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000
ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060
gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420
ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220

acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280

catcaccatt ga 5292

<210> 645

<211> 1514

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 645

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro

820 825 830

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

835 840 845

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

850 855 860

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln

865 870 875 880

Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln

885 890 895

Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro

900 905 910

Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

915 920 925

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

930 935 940

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

945 950 955 960

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro

965 970 975

Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val
980 985 990

Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
995 1000 1005

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1010 1015 1020

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1025 1030 1035

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1040 1045 1050

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1055 1060 1065

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1070 1075 1080

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1085 1090 1095

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1100 1105 1110

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1115 1120 1125

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1130 1135 1140

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1145 1150 1155

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1160 1165 1170

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1175 1180 1185

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1190 1195 1200

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1205 1210 1215

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1220 1225 1230

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1235 1240 1245

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1250 1255 1260

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1265 1270 1275

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1280 1285 1290

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1295 1300 1305

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1310 1315 1320

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1325 1330 1335

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1340 1345 1350

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1355 1360 1365

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1370 1375 1380

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1385 1390 1395

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1400 1405 1410

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1415 1420 1425

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1430 1435 1440

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1445 1450 1455

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1460 1465 1470

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1475 1480 1485

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1490 1495 1500

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 646

<211> 4545

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 646

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggtt ctcctgctgg ctcccccacc 2520

tcaacagaag aggggacaag cgaaagcgct acgcctgaga gtggccctgg ctctgagcca 2580

gccacctccg gctctgaaac ccctgcctcg agcagggctc agagtggcag tgtccctcag 2640

ttcaagaaag ttgttttcca ggaatttact gatggctcct ttactcagcc cttataccgt 2700

ggagaactaa atgaacattt gggactcctg gggccatata taagagcaga agttgaagat 2760

aatatcatgg taactttcag aaatcaggcc tctcgtccct attccttcta ttctagcctt 2820
atttcttatg aggaagatca gaggcaagga gcagaaccta gaaaaaactt tgtcaagcct 2880
aatgaaacca aaacttactt ttggaaagtg caacatcata tggcacccac taaagatgag 2940
tttgactgca aagcctgggc ttatttctct gatgttgacc tggaaaaaga tgtgcactca 3000
ggcctgattg gaccccttct ggtctgccac actaacacac tgaaccctgc tcatgggaga 3060
caagtgacag tacaggaatt tgctctgttt ttcaccatct ttgatgagac caaaagctgg 3120
tacttcactg aaaatatgga aagaaactgc agggctccct gcaatatcca gatggaagat 3180

cccactttta aagagaatta tcgcttccat gcaatcaatg gctacataat ggatacacta 3240
cctggcttag taatggctca ggatcaaagg attcgatggt atctgctcag catgggcagc 3300
aatgaaaaca tccattctat tcatttcagt ggacatgtgt tcactgtacg aaaaaaagag 3360
gagtataaaa tggcactgta caatctctat ccaggtgttt ttgagacagt ggaaatgtta 3420
ccatccaaag ctggaatttg gcgggtggaa tgccttattg gcgagcatct acatgctggg 3480
atgagcacac tttttctggt gtacagcaat aagtgtcaga ctcccctggg aatggcttct 3540
ggacacatta gagattttca gattacagct tcaggacaat atggacagtg ggccccaaag 3600

ctggccagac ttcattattc cggatcaatc aatgcctgga gcaccaagga gccctttct 3660
tggatcaagg tggatctgtt ggcaccaatg attattcacg gcatcaagac ccagggtgcc 3720
cgtcagaagt tctccagcct ctacatctct cagtttatca tcatgtatag tcttgatggg 3780
aagaagtggc agacttatcg aggaaattcc actggaacct taatggtctt ctttggcaat 3840
gtggattcat ctgggataaa acacaatatt tttaaccctc caattattgc tcgatacatc 3900
cgtttgcacc caactcatta tagcattcgc agcactcttc gcatggagtt gatgggctgt 3960
gatttaaata gttgcagcat gccattggga atggagagta aagcaatatc agatgcacag 4020

attactgctt catcctactt taccaatatg tttgccacct ggtctccttc aaaagctcga 4080
cttcacctcc aagggaggag taatgcctgg agacctcagg tgaataatcc aaaagagtgg 4140
ctgcaagtgg acttccagaa gacaatgaaa gtcacaggag taactactca gggagtaaaa 4200
tctctgctta ccagcatgta tgtgaaggag ttcctcatct ccagcagtca agatggccat 4260
cagtggactc tctttttca gaatggcaaa gtaaaggttt ttcagggaaa tcaagactcc 4320
ttcacacctg tggtgaactc tctagaccca ccgttactga ctcgctacct tcgaattcac 4380
ccccagagtt gggtgcacca gattgccctg aggatggagg ttctgggctg cgaggcacag 4440

gacctctacg gcgccggatc acctggggcc gaaacggccg aacaaaaact catctcagaa 4500

gaggatctgt cacctgcaac cggtcatcat caccatcacc attga 4545

<210> 647

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 647

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

900 905 910

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

915 920 925

```
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser
    930                 935                 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945                 950                 955                 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
                965                 970                 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
            980                 985                 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile  Gly Pro Leu Leu Val  Cys His Thr
        995                 1000                1005
Asn Thr  Leu Asn Pro Ala His  Gly Arg Gln Val Thr  Val Gln Glu
    1010                1015                1020
Phe Ala  Leu Phe Phe Thr Ile  Phe Asp Glu Thr Lys  Ser Trp Tyr
    1025                1030                1035
Phe Thr  Glu Asn Met Glu Arg  Asn Cys Arg Ala Pro  Cys Asn Ile
    1040                1045                1050

Gln Met  Glu Asp Pro Thr Phe  Lys Glu Asn Tyr Arg  Phe His Ala
    1055                1060                1065
Ile Asn  Gly Tyr Ile Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala
    1070                1075                1080
Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1085                1090                1095
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1100                1105                1110

Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1115                1120                1125
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1130                1135                1140
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1145                1150                1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
```

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1205 1210 1215
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1235 1240 1245
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1250 1255 1260
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1265 1270 1275
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 648
<211> 4536
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 648
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 2760

gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 2820

cctgcctcga gcaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320
gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440
ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500
tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 649
<211> 1511
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 649

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Gly Ala Pro Gly
900 905 910
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
915 920 925
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
930 935 940
Glu Thr Pro Ala Ser Ser Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1205 1210 1215
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1220 1225 1230
Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1235 1240 1245
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1265 1270 1275
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290
Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 650

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 650

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 2760

acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 2820

acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 651

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 651

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
930 935 940
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
945 950 955 960
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 652

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 652

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag gcgcgccagg ttctcctgct 2820
ggctccccca cctcaacaga agaggggaca agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct 2880
ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa acccctgcct cgagcgatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180
aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240
gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 653

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 653

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

965 970 975

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

980 985 990

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser

995 1000 1005

Ser Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

```
Phe Thr  Glu Asn Met Glu Arg  Asn Cys Arg Ala Pro  Cys Asn Ile
    1040                1045                1050
Gln Met  Glu Asp Pro Thr Phe  Lys Glu Asn Tyr Arg  Phe His Ala
    1055                1060                1065
Ile Asn  Gly Tyr Ile Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala
    1070                1075                1080

Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1085                1090                1095
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1100                1105                1110
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1115                1120                1125
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1130                1135                1140

Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1145                1150                1155
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1160                1165                1170
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
    1175                1180                1185
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1190                1195                1200

Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1205                1210                1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                1225                1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1235                1240                1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1250                1255                1260

Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
```

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 654

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 654

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cggcgcgcca ggttctcctg ctggctcccc cacctcaaca 2940

gaagagggga caagcgaaag cgctacgcct gagagtggcc ctggctctga gccagccacc 3000

tccggctctg aaacccctgc ctcgagcaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240
gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420
gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480
ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900
ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960
agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080
caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140
gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260
ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320
gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500
tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 655

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 655

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

```
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
```

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Gly Ala Pro Gly Ser Pro
995 1000 1005

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1010 1015 1020

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1025 1030 1035

Glu Thr Pro Ala Ser Ser Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1235 1240 1245
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1250 1255 1260
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1265 1270 1275
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 656

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 656

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 3060

gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 3120

cctgcctcga gcagaaactg cagggctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 657

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 657

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

```
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
                405                 410                 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
            420                 425                 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
        435                 440                 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
```

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
995 1000 1005
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1010 1015 1020

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1025 1030 1035
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile
1040 1045 1050
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1145 1150 1155
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1160 1165 1170
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1175 1180 1185

```
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1190                 1195                 1200

Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1205                 1210                 1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                 1225                 1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1235                 1240                 1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1250                 1255                 1260

Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1265                 1270                 1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                 1285                 1290
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1295                 1300                 1305
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1310                 1315                 1320

Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1325                 1330                 1335
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1340                 1345                 1350
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg
    1355                 1360                 1365
Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
    1370                 1375                 1380

Lys Thr  Met Lys Val Thr Gly  Val Thr Thr Gln Gly  Val Lys Ser
    1385                 1390                 1395
Leu Leu  Thr Ser Met Tyr Val  Lys Glu Phe Leu Ile  Ser Ser Ser
    1400                 1405                 1410
Gln Asp  Gly His Gln Trp Thr  Leu Phe Phe Gln Asn  Gly Lys Val
```

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 658

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 658

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa 3060

gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag agtggccctg gctctgagcc agccacctcc 3120

ggctctgaaa cccctgcctc gagcgctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 659

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 659

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1010 1015 1020
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1025 1030 1035
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ile
1040 1045 1050

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1055 1060 1065
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1070 1075 1080
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1115 1120 1125
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1130 1135 1140
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 660

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 660

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc 3060

acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc gctacgcctg agagtggccc tggctctgag 3120

ccagccacct ccggctctga aacccctgcc tcgagcatcc agatggaaga tcccactttt 3180

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 3240

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 661

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 661

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1040 1045 1050
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1055 1060 1065
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala
1070 1075 1080

Ser Ser Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1085 1090 1095
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1100 1105 1110

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1115 1120 1125

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1130 1135 1140

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1145 1150 1155

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410
Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 662
<211> 4536
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 662
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatg gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 3180

agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 3240
acccctgcct cgagccaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 3300
atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 3360
atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 3420
gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 3480
ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 663

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 663

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Gly Ala Pro

1115 1120 1125

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1130 1135 1140

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1145 1150 1155

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1160 1165 1170

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1175 1180 1185

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1205 1210 1215

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1220 1225 1230

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1235 1240 1245

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510
<210> 664
<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 664

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaatggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 3420

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 3480
tctgaaaccc ctgcctcgag caagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 3540
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 3600
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 3660
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900
ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960
agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020
tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080
caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140
gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320
gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440
ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500
tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 665

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 665

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1025                1030                1035
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1040                1045                1050
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1055                1060                1065
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1070                1075                1080

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1085                1090                1095
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1100                1105                1110
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1115                1120                1125
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1130                1135                1140

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1145                1150                1155
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1160                1165                1170
Phe Gly  Ala Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1175                1180                1185
Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1190                1195                1200

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Ala Ser  Ser Ser Trp
    1205                1210                1215
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1220                1225                1230
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1235                1240                1245
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
```

1250 1255 1260

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1265 1270 1275
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1280 1285 1290
Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1295 1300 1305
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410
Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 666

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 666

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct ttggcgcgcc aggttctcct 3540

gctggctccc ccacctcaac agaagagggg acaagcgaaa gcgctacgcc tgagagtggc 3600

cctggctctg agccagccac ctccggctct gaaacccctg cctcgagctc ttggatcaag 3660

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 3720

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 667

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 667

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Gly

1205 1210 1215

```
Ala Pro  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly
    1220                 1225                 1230

Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro
    1235                 1240                 1245
Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Ala Ser Ser Trp  Gln Thr Tyr
    1250                 1255                 1260
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1265                 1270                 1275
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1280                 1285                 1290

Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1295                 1300                 1305
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1310                 1315                 1320
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1325                 1330                 1335
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1340                 1345                 1350

Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg
    1355                 1360                 1365
Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
    1370                 1375                 1380
Lys Thr  Met Lys Val Thr Gly  Val Thr Thr Gln Gly  Val Lys Ser
    1385                 1390                 1395
Leu Leu  Thr Ser Met Tyr Val  Lys Glu Phe Leu Ile  Ser Ser Ser
    1400                 1405                 1410

Gln Asp  Gly His Gln Trp Thr  Leu Phe Phe Gln Asn  Gly Lys Val
    1415                 1420                 1425
Lys Val  Phe Gln Gly Asn Gln  Asp Ser Phe Thr Pro  Val Val Asn
    1430                 1435                 1440
Ser Leu  Asp Pro Pro Leu Leu  Thr Arg Tyr Leu Arg  Ile His Pro
```

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 668

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 668

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gggcgcgcca 3660

ggttctcctg ctggctcccc cacctcaaca gaagagggga caagcgaaag cgctacgcct 3720

gagagtggcc ctggctctga gccagccacc tccggctctg aaacccctgc ctcgagctgg 3780

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 669

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 669

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1220 1225 1230

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1235 1240 1245

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1250 1255 1260

Thr Pro Ala Ser Ser Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1265 1270 1275

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1280 1285 1290

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1295 1300 1305

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1385 1390 1395

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 670

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 670

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg cgcgccaggt tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa 3720

gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag agtggccctg gctctgagcc agccacctcc 3780

ggctctgaaa cccctgcctc gagcggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 3840

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 3900

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 671

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 671

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Gly

1265 1270 1275

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1280 1285 1290

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1295 1300 1305

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Asn Ser Cys Ser

1310 1315 1320

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1340 1345 1350

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1355 1360 1365

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 672
<211> 4536
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 672
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aggcgcgcca 3840

ggttctcctg ctggctcccc cacctcaaca gaagagggga caagcgaaag cgctacgcct 3900

gagagtggcc ctggctctga gccagccacc tccggctctg aaacccctgc ctcgagcaat 3960

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 673

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 673

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1295 1300 1305

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1310 1315 1320

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Gln Ile
1325 1330 1335
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1340 1345 1350
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1355 1360 1365
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410
Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 674
<211> 4536
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 674

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg caggcgcgcc aggttctcct 3900

gctggctccc ccacctcaac agaagagggg acaagcgaaa gcgctacgcc tgagagtggc 3960

cctggctctg agccagccac ctccggctct gaaacccctg cctcgagcca gattactgct 4020

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4080

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 675

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 675

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Gly Ala Pro Gly Ser
1325 1330 1335
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1340 1345 1350

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1355 1360 1365
Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1370 1375 1380
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1385 1390 1395
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1400 1405 1410

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1415 1420 1425
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1430 1435 1440
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1445 1450 1455
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500
Thr Gly His His His His His His

1505 1510

<210> 676

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 676

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag gcgcgccagg ttctcctgct 4020

ggctccccca cctcaacaga agaggggaca agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct 4080

ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa accctgcct cgagcgagtg gctgcaagtg 4140

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 4200

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 4260

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 677

<211> 1511

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 677

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1385 1390 1395

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1400 1405 1410

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Gly Lys Val

1415 1420 1425

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1430 1435 1440

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1445 1450 1455

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1460 1465 1470

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1475 1480 1485

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1490 1495 1500

Thr Gly His His His His His His
1505 1510

<210> 678

<211> 4536

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 678

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 4200

agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 4260

acccctgcct cgagcggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 4320

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 4380

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 4440

ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg 4500

tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac cattga 4536

<210> 679

<211> 1762

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 679

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1430 1435 1440

Gly Ala Glu Thr Ala Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1445 1450 1455

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1460 1465 1470

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1475 1480 1485

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1490 1495 1500

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1505 1510 1515

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1520 1525 1530

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1535 1540 1545

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1550 1555 1560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1565 1570 1575

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1580 1585 1590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1595 1600 1605

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1610 1615 1620

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1625 1630 1635

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

1655 1660 1665

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1670 1675 1680
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1685 1690 1695
Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1700 1705 1710

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1715 1720 1725
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln
1730 1735 1740
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
1745 1750 1755
His His His His
1760

<210> 680
<211> 5289
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 680
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 4320

ggatcacctg gggccgaaac ggccggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 4380

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccaccct 4440

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 4500

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 4560

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 4620

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 4680

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 4740

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 4800

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 4860

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 4920

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 4980

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 5040

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 5100

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 5160

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagg ggccgaaacg 5220

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5280

caccattga 5289

<210> 681

<211> 1762

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 681

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1430 1435 1440

Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1445 1450 1455

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1460 1465 1470

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1475 1480 1485

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1490 1495 1500

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1505 1510 1515
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1520 1525 1530
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1535 1540 1545
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1550 1555 1560

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1565 1570 1575
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1580 1585 1590
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
1595 1600 1605
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1610 1615 1620

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1625 1630 1635
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1640 1645 1650
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1655 1660 1665
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1670 1675 1680

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1685 1690 1695
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1700 1705 1710
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
1715 1720 1725
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln

1730 1735 1740

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

1745 1750 1755

His His His His

1760

<210> 682

<211> 5289

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 682

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 4320

ggatcacctg gggccgaaac ggccccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 4380

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 4440

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 4500

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 4560

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 4620

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 4680

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 4740

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 4800

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 4860
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 4920
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 4980
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 5040
ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 5100
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 5160
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagg ggccgaaacg 5220

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5280
caccattga 5289

<210> 683
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 683

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 684

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 684

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 685

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 685

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser
595 600 605

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
610 615 620

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
625 630 635 640

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
645 650 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

660 665 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
675 680 685
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
690 695 700
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
705 710 715 720
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 686

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 686

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctggc 1800

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1860

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1920

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1980

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 2040

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 2100

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 2160

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 2220

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 687

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 687

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 688

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 688

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 689

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 689

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

```
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
        595                 600                 605

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
    610                 615                 620
Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr
625                 630                 635                 640
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
                645                 650                 655
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
            660                 665                 670

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
        675                 680                 685
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
    690                 695                 700
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
705                 710                 715                 720
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
                725                 730                 735

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Gly Val Gln
            740                 745                 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
```

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                 1015                 1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                 1030                 1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                 1045                 1050

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                 1060                 1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                 1075                 1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                 1090                 1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                 1105                 1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                 1120                 1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                 1135                 1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                 1150                 1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                 1165                 1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                 1180                 1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                 1195                 1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                 1210                 1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                 1225                 1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 690

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 690

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctggc 1800

gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc 1860

tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc agcgccagca ctggaacagg tcctggcact 1920

cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga 1980

tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact ggaacggggc caggggcctc acccggaacg 2040

tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc 2100

tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg 2160

tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc acggggtccc ctggagcgtc accggggacc 2220

tcctcgacag gtagcccggc ctcgagcgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 691

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 691

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 692

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 692

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca tatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 693
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 693

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 694
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 694

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 695

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 695

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 696

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 696

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 697

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 697

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
```

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

```
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                 1210                 1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                 1225                 1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                 1240                 1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                 1255                 1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                 1270                 1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                 1285                 1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                 1300                 1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                 1315                 1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                 1330                 1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                 1345                 1350

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                 1360                 1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                 1375                 1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                 1390                 1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                 1405                 1410

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                 1420                 1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
```

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 698

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 698

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 699

<211> 1622

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 699

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

```
        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro
            820                 825                 830
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
        835                 840                 845
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
    850                 855                 860

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
865                 870                 875                 880
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
                885                 890                 895
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
            900                 905                 910
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
        915                 920                 925

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
    930                 935                 940
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
945                 950                 955                 960
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
                965                 970                 975
Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
            980                 985                 990

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
        995                 1000                1005
```

```
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1010                1015                1020
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1025                1030                1035
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1040                1045                1050

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1055                1060                1065
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1070                1075                1080
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1085                1090                1095
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1100                1105                1110

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1115                1120                1125
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1130                1135                1140
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1145                1150                1155
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1160                1165                1170

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1175                1180                1185
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1190                1195                1200
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1205                1210                1215
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
```

1235 1240 1245

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1250 1255 1260

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1265 1270 1275

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1280 1285 1290

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1295 1300 1305

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1310 1315 1320

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1325 1330 1335

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1340 1345 1350

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1355 1360 1365

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1370 1375 1380

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1385 1390 1395

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1400 1405 1410

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1415 1420 1425

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1430 1435 1440

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1445 1450 1455

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1460 1465 1470

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1475 1480 1485
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1490 1495 1500
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1505 1510 1515
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1520 1525 1530

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1535 1540 1545
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1550 1555 1560
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1565 1570 1575
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1580 1585 1590

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1595 1600 1605
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615 1620

<210> 700
<211> 4869
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 700

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 2520
tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 2580
gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 2640

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 2700
agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 2760
tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 2820
tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 2880
agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 2940
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3000
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3060

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3120
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3180
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3240
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3300
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3360
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3420
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 3480

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 3540
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 3600
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 3660
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 3720
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 3780
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 3840
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 3900

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 3960

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4020

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4080

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 4140

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 4200

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 4260

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 4320

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 4380

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 4440

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 4500

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 4560

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 4620

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 4680

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 4740

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 4800

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 4860

caccattga 4869

<210> 701

<211> 1622

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 701

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro

820 825 830

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

835 840 845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

885 890 895

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

900 905 910

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

915 920 925

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

930 935 940

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

945 950 955 960

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

965 970 975

Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

980 985 990

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

995 1000 1005

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1010 1015 1020

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1025 1030 1035

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1040 1045 1050

```
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1055                 1060                 1065
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1070                 1075                 1080
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1085                 1090                 1095

Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1100                 1105                 1110
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1115                 1120                 1125
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1130                 1135                 1140
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1145                 1150                 1155

Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1160                 1165                 1170
Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1175                 1180                 1185
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1190                 1195                 1200
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1205                 1210                 1215

Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1220                 1225                 1230
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1235                 1240                 1245
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1250                 1255                 1260
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1265                 1270                 1275

Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
```

1280 1285 1290

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1295 1300 1305

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1310 1315 1320

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1325 1330 1335

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1340 1345 1350

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1355 1360 1365

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1370 1375 1380

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1385 1390 1395

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1400 1405 1410

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1415 1420 1425

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1430 1435 1440

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1445 1450 1455

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1460 1465 1470

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1475 1480 1485

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1490 1495 1500

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1505 1510 1515

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1520 1525 1530
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1535 1540 1545
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1550 1555 1560
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1565 1570 1575

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1580 1585 1590
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1595 1600 1605
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615 1620

<210> 702

<211> 4869

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 702

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 2520

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 2580
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 2640
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 2700
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 2760
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 2820
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 2880
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 2940

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3000
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3060
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3120
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3180
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3240
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3300
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3360

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3420
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 3480
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 3540
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 3600
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 3660
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 3720
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 3780

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 3840
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 3900
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 3960
tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4020
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4080
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 4140
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 4200

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 4260

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 4320

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 4380

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 4440

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 4500

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 4560

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 4620

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 4680

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 4740

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 4800

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 4860

caccattga 4869

<210> 703

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 703

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

```
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
```

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Gly

1265 1270 1275

Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1280 1285 1290

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1295 1300 1305

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1310 1315 1320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1325 1330 1335
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1340 1345 1350
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1355 1360 1365
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1370 1375 1380

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1385 1390 1395
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
1400 1405 1410
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 704

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 704

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aggcgcgcca 3840
acatcagaga gcgccacccc tgaaagtggt cccgggagcg agccagccac atctgggtcg 3900
gaaacgccag gcacaagtga gtctgcaact cccgagtccg gacctggctc cgagcctgcc 3960
actagcggct ccgagactcc gggaacttcc gagagcgcta caccagaaag cggacccgga 4020
accagtaccg aacctagcga gggctctgct ccgggcagcc cagccggctc tcctacatcc 4080

acggaggagg gcacttccga atccgccacc ccggagtcag ggccaggatc tgaacccgct 4140
acctcaggca gtgagacgcc aggaacgagc gagtccgcta caccggagag tgggccaggg 4200
agccctgctg gatctcctac gtccactgag gaagggtcac cagcgggctc gcccaccagc 4260
actgaagaag gtgcctcgag caatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 705

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 705

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Gly

1265 1270 1275

Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1280 1285 1290

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1295 1300 1305

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1310 1315 1320

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1325 1330 1335

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1340 1345 1350

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1355 1360 1365

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1370 1375 1380

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1385 1390 1395

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1400 1405 1410

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 706

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 706

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aggcgcgcca 3840

ggctccagcc cctccgcgag cacgggaacc ggaccaggtt cgtcaccctc agcatcaacg 3900

gggacgggac cgggggcgtc accaggaacg tcctccaccg gctcgccggg tgcatcaccc 3960

ggaacgtcat cgaccggatc gccagggagc tcgacgccat caggcgcaac aggatcacct 4020

ggctcaagcc ctagcgcgtc aaccggcacg ggtccgggtg cctcccctgg cacgtccagc 4080

accggatcac ccggatcgag cccatccgcc tcaaccggaa ccggacccgg tacaccaggg 4140

tcgggaacag cctcctcgtc accaggctcc tcaacccccc cgggagccac gggttcgccc 4200

ggttcgtcaa cgccttccgg agcaactggt agccccggag catcgccagg aacttcgagc 4260

acggggtcgc ccgcctcgag caatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 707

<211> 1609

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 707

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

```
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
            740                 745                 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

            820                 825                 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
        835                 840                 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
```

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1445 1450 1455

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1460 1465 1470

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1475 1480 1485

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

1490 1495 1500

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1505 1510 1515

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1520 1525 1530

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1535 1540 1545

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1550 1555 1560

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1565 1570 1575

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

1580 1585 1590

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

1595 1600 1605

His

<210> 708

<211> 4830

<212> DNA

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 708

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaacatcta ccgagccttc cgaaggctct gcccctggga cctcagaatc tgcaacccct 4380

gaaagcggcc ctggaacctc cgaaagtgcc actcccgaga gcggcccagg gacaagcgag 4440

tcagcaaccc ctgagtctgg acccggcagc gagcctgcaa cctctggctc agagactccc 4500

ggctcagaac ccgctacctc aggctccgag acacccggct ctcctgctgg gagtcccact 4560

tccaccgagg aaggaacatc cactgagcct agtgagggct ctgcccctgg aaccagcaca 4620

gagccaagtg agggcagtgc accaggatcc gagccagcaa ccagcgggtc cgagactccc 4680

gggacctctg agtctgccac cccagagagc ggacccggca cttcaaccga gccctccgaa 4740

ggatcagcac caggtgcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 4800

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4830

<210> 709

<211> 1609

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 709

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly

1430 1435 1440

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

1445 1450 1455

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1460 1465 1470

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1475 1480 1485
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1490 1495 1500

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1505 1510 1515
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1520 1525 1530
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1535 1540 1545
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1550 1555 1560

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1565 1570 1575
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile
1580 1585 1590
Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His
1595 1600 1605
His

<210> 710
<211> 4830
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide
<400> 710
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccacccgggt cgtccccgtc ggcgtccacc ggaacagggc cagggtcatc cccgtcagcg 4380

tcgactggga cgggacccgg gacacccggt tcggggactg catcctcctc gcctggttcg 4440

tccaccccgt caggagccac gggttcgccg ggaagcagcc caagcgcatc cactggtaca 4500

gggcctgggg cttcaccggg tacttcatcc acggggtcac cgggaacgcc cggatcgggg 4560

acggcttcct catcaccagg atcgtcaaca ccctcgggcg caacgggcag ccccggaacc 4620

cctggttcgg gtacggcgtc gtcgagcccc ggtgcgagcc cgggaacaag ctcgacagga 4680

tcgcctgggg cgtcacccgg cacgtcgagc acaggcagcc ccggaacccc tggatcggga 4740

accgcgtcgt caagcgcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 4800

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4830

<210> 711

<211> 1763

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 711

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1010 1015 1020
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1730 1735 1740

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1745 1750 1755

His His His His His His

1760

<210> 712

<211> 5292

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 712

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920
acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980
ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040
aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100
ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160
atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220
acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280

catcaccatt ga 5292

<210> 713
<211> 1763
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 713

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

```
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1340                1345                1350
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys

    1355                1360                1365
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1370                1375                1380
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1385                1390                1395
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1400                1405                1410
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala

    1415                1420                1425
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1430                1435                1440
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1445                1450                1455
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1460                1465                1470
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly

    1475                1480                1485
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1490                1495                1500
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1505                1510                1515
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    1520                1525                1530
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr

    1535                1540                1545
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1550                1555                1560
Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu
```

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1730 1735 1740

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1745 1750 1755

His His His His His His

1760

<210> 714

<211> 5292

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 714

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280
cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400
ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580
ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700
gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccctc cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220

acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280

catcaccatt ga 5292

<210> 715

<211> 1753

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 715

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1430 1435 1440

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1445 1450 1455
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1460 1465 1470
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1475 1480 1485
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1490 1495 1500

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1505 1510 1515
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1520 1525 1530
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1535 1540 1545
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1550 1555 1560

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1565 1570 1575
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1580 1585 1590
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1595 1600 1605
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1610 1615 1620

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1625 1630 1635

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1655 1660 1665

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1670 1675 1680

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1685 1690 1695

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1700 1705 1710

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1715 1720 1725

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1730 1735 1740

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1745 1750

<210> 716

<211> 5262

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 716

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca tatattttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 4380

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 4440

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 4500

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 4560

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 4620

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 4680

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 4740

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 4800

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 4860

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 4920

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 4980

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5040

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 5100

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 5160

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 5220

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5262

<210> 717

<211> 1753

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 717

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1025                1030                1035
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1040                1045                1050
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1055                1060                1065

Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1070                1075                1080
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1085                1090                1095
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1100                1105                1110
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1115                1120                1125

Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1130                1135                1140
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1145                1150                1155
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1160                1165                1170
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1175                1180                1185

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1190                1195                1200
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1205                1210                1215
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1220                1225                1230
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1235                1240                1245

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly

1430 1435 1440

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1445 1450 1455

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1460 1465 1470

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1475 1480 1485

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1490 1495 1500
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1505 1510 1515
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1520 1525 1530
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1535 1540 1545

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1550 1555 1560
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
1565 1570 1575
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1580 1585 1590
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1595 1600 1605

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1610 1615 1620
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
1625 1630 1635
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1640 1645 1650
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1655 1660 1665

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1670 1675 1680
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1685 1690 1695
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1700 1705 1710
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1715 1720 1725

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1730 1735 1740

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1745 1750

<210> 718

<211> 5262

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 718

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaccgggag cgtcacccgg tacgtcctca acggggagcc ctggggcatc acccggcacg 4380
tcctcgacag ggtcccccgg aacaccgggt tcggggactg cgtcgtcgtc acccggttcg 4440
tcaacaccca gcggtgcgac gggttccccg ggaacccccg gatcaggaac agcgtcgtcg 4500
agccccggaa gctcgacccc gtcaggagcg accgggtcgc caggaacgcc tgggtcgggt 4560
actgcctcat cgtcgccggg ttcatcgacg ccctccggag caacaggttc acccgggtcg 4620
tccaccccca gcggagcgac tggatcaccg ggatcgagcc cgtcggcatc gacaggaaca 4680
ggtcccggta gctccccatc ggcctccacg gggacggggc ctggtgcgtc accggggaca 4740

agcagcacgg gttcgccggg aacgccaggg tcagggaccg cgtcgtcgag cccagggtcg 4800

tccaccccaa gcggggctac tgggtccccg ggtagctcgc cgagcgcatc aacgggaacc 4860

ggaccgggca gctccccctc agcgtcgaca gggacaggcc ctggcgcgag cccgggaaca 4920

tcgtcgacgg ggtcacccgg agcatcgcca gggacctcgt caactggctc gcctggatcg 4980

tcaacgccct cgggagccac ggggtcgccc ggatcatccc cgtccgcctc aactggcaca 5040

ggccctggtg cttcccctgg aacgtccagc acaggctccc ccggttccag cccttccgct 5100

tcgactggga ctggacccgg aaccccggga tcggggacag cgtcaagctc gcccggaagc 5160

tccacgcctt cgggggcaac cgggtcagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 5220

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5262

<210> 719

<211> 2329

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 719

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser
1430 1435 1440
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1445 1450 1455
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1460 1465 1470

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1475 1480 1485
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1490 1495 1500
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1505 1510 1515
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1520 1525 1530

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1535 1540 1545
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1550 1555 1560
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1565 1570 1575

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1580 1585 1590

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1595 1600 1605
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1610 1615 1620
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1625 1630 1635
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1640 1645 1650

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1655 1660 1665
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1670 1675 1680
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1685 1690 1695
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1700 1705 1710

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1715 1720 1725
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1820 1825 1830

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1865 1870 1875

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1880 1885 1890

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1925 1930 1935

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1940 1945 1950

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

1970 1975 1980

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1985 1990 1995

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2000 2005 2010

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2015 2020 2025

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2045 2050 2055
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2075 2080 2085
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
2090 2095 2100
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2105 2110 2115
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2120 2125 2130

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2135 2140 2145
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
2150 2155 2160
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2165 2170 2175
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2180 2185 2190

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2195 2200 2205
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
2210 2215 2220
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly
2225 2230 2235
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2240 2245 2250

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2255 2260 2265
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

2270 2275 2280

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

2285 2290 2295

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

2300 2305 2310

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

2315 2320 2325

His

<210> 720

<211> 6990

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 720

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaggttctc cagccgggtc cccaacttcg accgaggaag ggacctccga gtcagctacc 4380

ccggagtccg gtcctggcac ctccaccgaa ccatcggagg gcagcgcccc tgggagccct 4440

gccgggagcc ctacaagcac cgaagagggc accagtacag agccaagtga ggggagcgcc 4500

cctggtacta gtactgaacc atccgagggg tcagctccag gcacgagtga gtccgctacc 4560

cccgagagcg gaccgggctc agagcccgcc acgagtggca gtgaaactcc aggctcagaa 4620

cccgccacta gtgggtcaga gactccaggc agccctgccg gatcccctac gtccaccgag 4680

gagggaacat ctgagtccgc aacacccgaa tccggtccag gcacctccac ggaacctagt 4740

gaaggctcgg caccaggtac aagcaccgaa cctagcgagg gcagcgctcc cggcagccct 4800

gccggcagcc caacctcaac tgaggagggc accagtactg agcccagcga gggatcagca 4860

cctggcacca gcaccgaacc tagcgagggg agcgcccctg ggactagcga gtcagctaca 4920

ccagagagcg ggcctggaac ttctaccgaa cccagtgagg gatccgctcc aggcacctcc 4980

gaatccgcaa cccccgaatc cggacctggc tcagagcccg ccaccagcgg gagcgaaacc 5040

cctggcacat ccaccgagcc tagcgaaggg tccgcacccg gcaccagtac agagcctagc 5100

gagggatcag cacctggcac cagtgaatct gctacaccag agagcggccc tggaacctcc 5160

gagtccgcta cccccgagag cgggccaggt tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa 5220

gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag agtggccctg gctctgagcc agccacctcc 5280

ggctctgaaa cccctggcac tagtgagtct gccacgcctg agtccggacc cgggacctct 5340

actgagccct cggaggggag cgctcctggc acgagtacag aaccttccga aggaagtgca 5400

ccgggcacaa gcaccgagcc ttccgaaggc tctgctcccg gaacctctac cgaaccctct 5460

gaagggtctg cacccggcac gagcaccgaa cccagcgaag ggtcagcgcc tgggacctca 5520

acagagccct cggaaggatc agcgcctgga agccctgcag ggagtccaac ttccacggaa 5580

gaaggaacgt ctacagagcc atcagagggg tccgcaccag gtaccagcga atccgctact 5640

cccgaatctg gccctgggtc cgaacctgcc acctccggct ctgaaactcc agggacctcc 5700

gaatctgcca cacccgagag cggccctggc tccgagcccg caacatctgg cagcgagaca 5760

cctggcacct ccgagagcgc aacacccgag agcggccctg gcaccagcac cgagccatcc 5820

gagggatccg ccccaggcac ttctgagtca gccacacccg aaagcggacc aggatcaccc 5880

gctggctccc ccaccagtac cgaggagggg tcccccgctg gaagtccaac aagcactgag 5940

gaagggtccc ctgccggctc ccccacaagt accgaagagg gcacaagtga gagcgccact 6000

cccgagtccg ggcctggcac cagcacagag ccttccgagg ggtccgcacc aggtacctca 6060

gagtctgcta cccccgagtc agggccagga tcagagccag ccacctccgg gtctgagaca 6120

cccgggactt ccgagagtgc cacccctgag tccggacccg ggtccgagcc cgccacttcc 6180

ggctccgaaa ctcccggcac aagcgagagc gctaccccag agtcaggacc aggaacatct 6240

acagagccct ctgaaggctc cgctccaggg tccccagccg gcagtcccac tagcaccgag 6300

gagggaacct ctgaaagcgc cacacccgaa tcagggccag ggtctgagcc tgctaccagc 6360

ggcagcgaga caccaggcac ctctgagtcc gccacaccag agtccggacc cggatctccc 6420

gctgggagcc ccacctccac tgaggaggga tctcctgctg gctctccaac atctactgag 6480

gaaggtacct caaccgagcc atccgaggga tcagctcccg gcacctcaga gtcggcaacc 6540
ccggagtctg gacccggaac ttccgaaagt gccacaccag agtccggtcc cgggacttca 6600
gaatcagcaa cacccgagtc cggccctggg tctgaacccg ccacaagtgg tagtgagaca 6660
ccaggatcag aacctgctac ctcagggtca gagacacccg gatctccggc aggctcacca 6720
acctccactg aggagggcac cagcacagaa ccaagcgagg gctccgcacc cggaacaagc 6780
actgaaccca gtgagggttc agcacccggc tctgagccgg ccacaagtgg cagtgagaca 6840
cccggcactt cagagagtgc caccccgag agtggcccag gcactagtac cgagccctct 6900

gaaggcagtg cgccagcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 6960
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 6990

<210> 721
<211> 2329
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 721

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ala

1430 1435 1440

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1445 1450 1455

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1460 1465 1470

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1475 1480 1485

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1490 1495 1500

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1505 1510 1515

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1520 1525 1530

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1535 1540 1545

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1550 1555 1560

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1565 1570 1575
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1580 1585 1590

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1595 1600 1605
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1610 1615 1620
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1625 1630 1635
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1640 1645 1650

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1655 1660 1665
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1670 1675 1680
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1685 1690 1695
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1700 1705 1710

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1715 1720 1725
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1730 1735 1740
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1745 1750 1755
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1760 1765 1770

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1790 1795 1800

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1805 1810 1815

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1820 1825 1830

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1850 1855 1860

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1865 1870 1875

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1880 1885 1890

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1895 1900 1905

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1910 1915 1920

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1925 1930 1935

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1940 1945 1950

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1955 1960 1965

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1970 1975 1980

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1985 1990 1995

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2000 2005 2010

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

2015 2020 2025

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
2030 2035 2040
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
2045 2050 2055
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
2060 2065 2070

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
2075 2080 2085
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
2090 2095 2100
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
2105 2110 2115
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
2120 2125 2130

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
2135 2140 2145
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
2150 2155 2160
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
2165 2170 2175
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
2180 2185 2190

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
2195 2200 2205
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
2210 2215 2220
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
2225 2230 2235
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
2240 2245 2250

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

2255 2260 2265

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2270 2275 2280

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

2285 2290 2295

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

2300 2305 2310

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

2315 2320 2325

His

<210> 722

<211> 6990

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 722

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320
ccaggtgcct cgccgggaac atcatcaact ggttcacccg ggtcatcccc ctcggcctca 4380

accgggacgg gtcccggctc atcccccagc gccagcactg gaacaggtcc tggcactcct 4440

ggttccggta cggcatcgtc atccccggga agctcaacac cgtccggagc gacaggatca 4500

cctggctcgt caccttcggc gtcaactgga acggggccag gggcctcacc cggaacgtcc 4560

tcgactgggt cgcctggtac gccgggatca ggaacggcct catcctcgcc tgggtcctca 4620

acgccctcgg gtgcgactgg ttcgccggga actcctggct cggggacggc ctcgtcgtcg 4680

cctggggcat caccggggac gagctccacg gggtcccctg gagcgtcacc ggggacctcc 4740

tcgacaggta gcccgggtac accgggcagc ggcacggctt cgtcgtcacc cggctcgtcc 4800

acaccgtcgg gagctacggg aagcccagga gcgtcaccgg gaacgtcgtc aacggggtca 4860

ccgggtacgc caggtagcgg cacggccagc agctcgccag gttcatcgac cccgtcggga 4920

gcgactgggt cgcccggatc aagcccgtca gcttccactg gaacaggacc cgggtcgtcg 4980

ccgtcagcct caacggggac aggacctggt tcatcgacgc cgtcaggggc gacaggctcg 5040

cccggatcgt caacaccctc gggggcaacg gggagccctg gtgcgtcgcc tggaacctca 5100

tccaccggaa gcccgggggc ctcgccgggt acgagctcca cgggatcgcc cggagcgtcc 5160

cccggaactt caagcacagg gagccctggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 5220

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 5280

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 5340

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 5400

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 5460

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 5520

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 5580

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg gtacgcccgg gtcgggaaca 5640

gcgtcctcaa gcccgggtag ctcgacgccg tcaggagcca cagggtcgcc gggatcgtcg 5700

actccatcag gcgcaacggg atcgcctgga tcaagcactc catccggagc gacgggaagc 5760

ccagggagct ccccgtccgc atcgactggg acgggacctg gagcaagccc cggtacgtcg 5820

tcaacaggtt cgcctggtgc ctcgcctggc acgtccagca cggggagccc cggaacgccg 5880

ggttccggaa ccgcatcctc ctcaccaggt gcctcaccgg gcacctcatc aacgggatca 5940

ccaggggctt caccgggaac gagctcgacg ggttcaccgg gagcgtcccc ggggacttcg 6000

tcgacaggta gcccaggggc aagccccggt acatcgtcaa cgggttcccc agggacaccg 6060

gggagcggta ctgcatcgtc ctcacccggt tcctcgacac ccagcggagc cacgggttcg 6120

cccggtactc cggggtccgg aacggccagc agctcacccg gttcctcgac gccatcaggt 6180

gccacgggct cgcctggaac gccaggctcg ggcactgcga gcagcagccc tggatcatca 6240

acgcctagcg gagcgaccgg ctcccctgga tcgtcaactc cctcgggcgc gactgggagc 6300

ccaggaagct caccgtcggc ctcgacggga acagggcctg gttcgagccc ctcagcttca 6360

acaggaacag gtccaggcgc gtcgccaggt acatcatcga cgggttcgcc tgggacccct 6420

gggtccggta ctgcctcatc atcgcccgga tcgtccaccc cctcgggagc gacaggttcg 6480

cctggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 6540

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 6600

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 6660

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 6720

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 6780

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 6840

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 6900

agcacggggt cgcccgcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 6960

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 6990

<210> 723

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 723

Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1 5 10 15

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
20 25 30

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
35 40 45

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
50 55 60

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
65 70 75 80

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

85 90 95

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
100 105 110
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
115 120 125
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
130 135 140
Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val
145 150 155 160

Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 724

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 724

ggcgcgccaa catcagagag cgccacccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 60

tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 120

gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 180

ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 240

cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 300

gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 360

gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 420

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg 480

gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 725

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 725

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
35 40 45

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
50 55 60

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
65 70 75 80

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
85 90 95

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
100 105 110

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
115 120 125

```
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
    130                 135                 140
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
145                 150                 155                 160

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
                165                 170                 175
Glu Glu Gly Ala Ser Ser Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
```

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

```
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                1330                1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
```

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 726

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 726

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctggcg cgccaacatc agagagcgcc 120

acccctgaaa gtggtcccgg gagcgagcca gccacatctg ggtcggaaac gccaggcaca 180
agtgagtctg caactcccga gtccggacct ggctccgagc ctgccactag cggctccgag 240
actccgggaa cttccgagag cgctacacca gaaagcggac ccggaaccag taccgaacct 300
agcgagggct ctgctccggg cagcccagcc ggctctccta catccacgga ggagggcact 360
tccgaatccg ccaccccgga gtcagggcca ggatctgaac ccgctacctc aggcagtgag 420
acgccaggaa cgagcgagtc cgctacaccg gagagtgggc cagggagccc tgctggatct 480
cctacgtcca ctgaggaagg gtcaccagcg ggctcgccca ccagcactga agaaggtgcc 540

tcgagcagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 727

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 727

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
65 70 75 80

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
85 90 95

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
100 105 110

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
115 120 125

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
130 135 140

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
145 150 155 160

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

165 170 175

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

180 185 190

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

195 200 205

Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

```
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
```

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 728

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 728

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggggcgc gccaacatca gagagcgcca cccctgaaag tggtcccggg 240

agcgagccag ccacatctgg gtcggaaacg ccaggcacaa gtgagtctgc aactcccgag 300

tccggacctg gctccgagcc tgccactagc ggctccgaga ctccgggaac ttccgagagc 360

gctacaccag aaagcggacc cggaaccagt accgaaccta gcgagggctc tgctccgggc 420

agcccagccg gctctcctac atccacggag gagggcactt ccgaatccgc caccccggag 480

tcagggccag gatctgaacc cgctacctca ggcagtgaga cgccaggaac gagcgagtcc 540

gctacaccgg agagtgggcc agggagccct gctggatctc ctacgtccac tgaggaaggg 600

tcaccagcgg gctcgcccac cagcactgaa gaaggtgcct cgagcccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 729

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 729

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
85 90 95

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
100 105 110

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
115 120 125

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
130 135 140

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
145 150 155 160

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
165 170 175

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
180 185 190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
195 200 205

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
210 215 220

Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

```
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                 1210                 1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                 1225                 1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                 1240                 1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                 1255                 1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                 1270                 1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                 1285                 1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                 1300                 1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                 1315                 1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                 1330                 1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                 1345                 1350

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                 1360                 1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                 1375                 1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                 1390                 1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                 1405                 1410

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                 1420                 1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
```

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 730

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 730

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatggcgcgc caacatcaga gagcgccacc cctgaaagtg gtcccgggag cgagccagcc 300

acatctgggt cggaaacgcc aggcacaagt gagtctgcaa ctcccgagtc cggacctggc 360

tccgagcctg ccactagcgg ctccgagact ccgggaactt ccgagagcgc tacaccagaa 420

agcggacccg gaaccagtac cgaacctagc gagggctctg ctccgggcag cccagccggc 480

tctcctacat ccacggagga gggcacttcc gaatccgcca ccccggagtc agggccagga 540

tctgaacccg ctacctcagg cagtgagacg ccaggaacga gcgagtccgc tacaccggag 600

agtgggccag ggagccctgc tggatctcct acgtccactg aggaagggtc accagcgggc 660

tcgcccacca gcactgaaga aggtgcctcg agcgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 731

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 731

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
115 120 125
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
130 135 140
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
145 150 155 160

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
165 170 175
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
180 185 190
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser
195 200 205
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
210 215 220

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
225 230 235 240
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
245 250 255
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 732

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 732

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtggc 360

gcgccaggct ccagcccctc cgcgagcacg ggaaccggac caggttcgtc accctcagca 420

tcaacgggga cgggaccggg ggcgtcacca ggaacgtcct ccaccggctc gccgggtgca 480

tcacccggaa cgtcatcgac cggatcgcca gggagctcga cgccatcagg cgcaacagga 540

tcacctggct caagccctag cgcgtcaacc ggcacgggtc cgggtgcctc ccctggcacg 600

tccagcaccg gatcacccgg atcgagccca tccgcctcaa ccggaaccgg acccggtaca 660

ccagggtcgg gaacagcctc ctcgtcacca ggctcctcaa ccccctcggg agccacgggt 720

tcgcccggtt cgtcaacgcc ttccggagca actggtagcc ccggagcatc gccaggaact 780

tcgagcacgg ggtcgcccgc ctcgagccaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 733

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 733

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

210 215 220

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

225 230 235 240

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

245 250 255

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

260 265 270

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

275 280 285

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

290 295 300

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

305 310 315 320

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
325 330 335
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
340 345 350

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 734

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 734

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaggcgcgc caggctccag cccctccgcg 660

agcacgggaa ccggaccagg ttcgtcaccc tcagcatcaa cggggacggg accgggggcg 720

tcaccaggaa cgtcctccac cggctcgccg ggtgcatcac ccggaacgtc atcgaccgga 780

tcgccaggga gctcgacgcc atcaggcgca acaggatcac ctggctcaag ccctagcgcg 840

tcaaccggca cgggtccggg tgcctcccct ggcacgtcca gcaccggatc acccggatcg 900

agcccatccg cctcaaccgg aaccggaccc ggtacaccag ggtcgggaac agcctcctcg 960

tcaccaggct cctcaacccc ctcgggagcc acgggttcgc ccggttcgtc aacgccttcc 1020

ggagcaactg gtagccccgg agcatcgcca ggaacttcga gcacggggtc gcccgcctcg 1080

agcacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca tatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 735
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 735

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Gly Ala Pro Gly
210 215 220

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
225 230 235 240
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
245 250 255
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
260 265 270
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
275 280 285

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
290 295 300
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
305 310 315 320
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
325 330 335
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
340 345 350

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala

355 360 365

Ser Ser Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 736

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 736

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 720

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 780

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 840

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 900

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 960

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccctc gggagccacg 1020

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 1080

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 737

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 737

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

225 230 235 240

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

245 250 255

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

260 265 270

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

275 280 285

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

290 295 300

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

305 310 315 320

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

325 330 335

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

340 345 350

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

355 360 365

Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

```
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
```

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 738

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 738

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctggcgcgcc aggctccagc ccctccgcga gcacgggaac cggaccaggt 720

tcgtcaccct cagcatcaac ggggacggga ccgggggcgt caccaggaac gtcctccacc 780

ggctcgccgg gtgcatcacc cggaacgtca tcgaccggat cgccagggag ctcgacgcca 840

tcaggcgcaa caggatcacc tggctcaagc cctagcgcgt caaccggcac gggtccgggt 900

gcctcccctg gcacgtccag caccggatca cccggatcga gcccatccgc ctcaaccgga 960

accggacccg gtacaccagg gtcgggaaca gcctcctcgt caccaggctc ctcaaccccc 1020

tcgggagcca cgggttcgcc cggttcgtca acgccttccg gagcaactgg tagccccgga 1080

gcatcgccag gaacttcgag cacggggtcg cccgcctcga gcgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 739

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 739

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
```

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
340 345 350

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
355 360 365
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
370 375 380
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
385 390 395 400
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
405 410 415

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
420 425 430
Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
435 440 445
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
450 455 460
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

465 470 475 480

Gly Ser Pro Ala Ser Ser Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 740

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 740

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgagg cgcgccaggc 1020

tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg 1080

acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga 1140

acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc 1200

tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc 1260

ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca accggaaccg gacccggtac accagggtcg 1320

ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt 1380

tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg 1440

gggtcgcccg cctcgagcat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 741

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 741

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

340 345 350

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

355 360 365

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

370 375 380

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

385 390 395 400

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

405 410 415

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

420 425 430

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

435 440 445

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

450 455 460

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

465 470 475 480

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

```
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705                 710                 715                 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
                725                 730                 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
            740                 745                 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
```

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 742

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 742

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaatggc 1020

gcgccaggct ccagcccctc cgcgagcacg ggaaccggac caggttcgtc accctcagca 1080

tcaacgggga cgggaccggg ggcgtcacca ggaacgtcct ccaccggctc gccgggtgca 1140

tcacccggaa cgtcatcgac cggatcgcca gggagctcga cgccatcagg cgcaacagga 1200

tcacctggct caagccctag cgcgtcaacc ggcacgggtc cgggtgcctc ccctggcacg 1260

tccagcaccg gatcacccgg atcgagccca tccgcctcaa ccggaaccgg acccggtaca 1320

ccagggtcgg gaacagcctc ctcgtcacca ggctcctcaa ccccctcggg agccacgggt 1380

tcgcccggtt cgtcaacgcc ttccggagca actggtagcc ccggagcatc gccaggaact 1440

tcgagcacgg ggtcgcccgc ctcgagcaat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 743

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 743

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Gly Ala Pro Thr Ser Thr
370 375 380
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
385 390 395 400
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
405 410 415

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
420 425 430
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
435 440 445
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
450 455 460
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
465 470 475 480

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
485 490 495
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
500 505 510
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 744

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 744

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatggcgcg 1140

ccaaccagta cggagccgtc cgaggggagc gcaccaggaa gcccggctgg gagcccgact 1200

tctaccgaag agggtacatc taccgaacca agtgaaggtt cagcaccagg cacctcaaca 1260

gaaccctctg agggctcggc gcctggtaca agtgagtccg ccaccccaga atccgggcct 1320

gggacaagca cagaaccttc ggaagggagt gcccctggaa catccgaatc ggcaacccca 1380

gaatcagggc caggatctga gcccgcgact tcgggctccg agacgcctgg gacatccacc 1440

gagccctccg aaggatcagc cccaggcacc agcacggagc cctctgaggg aagcgcacct 1500

ggtaccagcg aaagcgcaac tcccgaatca ggtcccggta cgagcgagtc ggcgaccccg 1560

gagagcgggc caggtgcctc gagccctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca tatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 745
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 745

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly

385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 746
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 746

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 747

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 747

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 748

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 748

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 749

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 749

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
420 425 430
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
435 440 445
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
450 455 460
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

465 470 475 480

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
485 490 495
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
500 505 510
Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
515 520 525
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
530 535 540

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
545 550 555 560
Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

```
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                 1210                 1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                 1225                 1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                 1240                 1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                 1255                 1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                 1270                 1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                 1285                 1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                 1300                 1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                 1315                 1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                 1330                 1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                 1345                 1350

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                 1360                 1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                 1375                 1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                 1390                 1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                 1405                 1410

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                 1420                 1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
```

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 750

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 750

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctgg cgcgccaacc 1260

agtacggagc cgtccgaggg gagcgcacca ggaagcccgg ctgggagccc gacttctacc 1320

gaagagggta catctaccga accaagtgaa ggttcagcac caggcacctc aacagaaccc 1380

tctgagggct cggcgcctgg tacaagtgag tccgccaccc cagaatccgg gcctgggaca 1440

agcacagaac cttcggaagg gagtgcccct ggaacatccg aatcggcaac cccagaatca 1500

gggccaggat ctgagcccgc gacttcgggc tccgagacgc ctgggacatc caccgagccc 1560

tccgaaggat cagccccagg caccagcacg gagccctctg agggaagcgc acctggtacc 1620

agcgaaagcg caactcccga atcaggtccc ggtacgagcg agtcggcgac cccggagagc 1680

gggccaggtg cctcgagcca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 751

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 751

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser

485 490 495

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

500 505 510

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
545 550 555 560
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
565 570 575
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
580 585 590
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
595 600 605

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
610 615 620
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 752

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 752

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta tggcgcgcca accagtacgg agccgtccga ggggagcgca 1500

ccaggaagcc cggctgggag cccgacttct accgaagagg gtacatctac cgaaccaagt 1560

gaaggttcag caccaggcac ctcaacagaa ccctctgagg gctcggcgcc tggtacaagt 1620

gagtccgcca ccccagaatc cgggcctggg acaagcacag aaccttcgga agggagtgcc 1680

cctggaacat ccgaatcggc aaccccagaa tcagggccag gatctgagcc cgcgacttcg 1740

ggctccgaga cgcctgggac atccaccgag ccctccgaag gatcagcccc aggcaccagc 1800

acggagccct ctgagggaag cgcacctggt accagcgaaa gcgcaactcc cgaatcaggt 1860

cccggtacga gcgagtcggc gaccccggag agcgggccag gtgcctcgag ctcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 753

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 753

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Gly Ala
485 490 495
Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
500 505 510
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
515 520 525
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
530 535 540

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
545 550 555 560
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

565 570 575

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

580 585 590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

595 600 605

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

610 615 620

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

625 630 635 640

Gly Ala Ser Ser Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 754
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 754

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtggcgcgcc aaccagtacg 1500

gagccgtccg aggggagcgc accaggaagc ccggctggga gcccgacttc taccgaagag 1560

ggtacatcta ccgaaccaag tgaaggttca gcaccaggca cctcaacaga accctctgag 1620

ggctcggcgc ctggtacaag tgagtccgcc accccagaat ccgggcctgg gacaagcaca 1680

gaaccttcgg aagggagtgc ccctggaaca tccgaatcgg caaccccaga atcagggcca 1740

ggatctgagc ccgcgacttc gggctccgag acgcctggga catccaccga gccctccgaa 1800

ggatcagccc caggcaccag cacggagccc tctgagggaa gcgcacctgg taccagcgaa 1860

agcgcaactc ccgaatcagg tcccggtacg agcgagtcgg cgaccccgga gagcgggcca 1920

ggtgcctcga gcgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca tatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 755
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 755

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

500 505 510

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

515 520 525

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

530 535 540

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

545 550 555 560

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

565 570 575

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

580 585 590

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

595 600 605

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
610 615 620
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
625 630 635 640
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 756
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 756

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

ggcgcgccaa ccagtacgga gccgtccgag gggagcgcac caggaagccc ggctgggagc 1560

ccgacttcta ccgaagaggg tacatctacc gaaccaagtg aaggttcagc accaggcacc 1620

tcaacagaac cctctgaggg ctcggcgcct ggtacaagtg agtccgccac cccagaatcc 1680

gggcctggga caagcacaga accttcggaa gggagtgccc ctggaacatc cgaatcggca 1740

accccagaat cagggccagg atctgagccc gcgacttcgg gctccgagac gcctgggaca 1800

tccaccgagc cctccgaagg atcagcccca ggcaccagca cggagccctc tgagggaagc 1860

gcacctggta ccagcgaaag cgcaactccc gaatcaggtc ccggtacgag cgagtcggcg 1920

accccggaga gcgggccagg tgcctcgagc tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 757

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 757

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Gly Ala Pro Gly Ala
595 600 605

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
610 615 620
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
625 630 635 640
Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
645 650 655
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

660 665 670

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
675 680 685
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
690 695 700
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
705 710 715 720
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
725 730 735

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
740 745 750
Ser Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 758

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 758

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1860

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1920

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1980

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 2040

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 2100

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 2160

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 2220

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 759

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 759

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
755 760 765
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
770 775 780
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
805 810 815
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
820 825 830
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
835 840 845
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
865 870 875 880
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
885 890 895
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

```
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                 1210                 1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                 1225                 1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                 1240                 1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                 1255                 1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                 1270                 1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                 1285                 1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                 1300                 1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                 1315                 1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                 1330                 1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                 1345                 1350

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                 1360                 1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                 1375                 1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                 1390                 1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                 1405                 1410

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                 1420                 1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
```

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 760

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 760

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340
cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400
cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460
actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520
cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580
cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700
ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 761

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 761

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

```
        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815
Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
            820                 825                 830
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        835                 840                 845
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
    850                 855                 860

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
865                 870                 875                 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
                885                 890                 895
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            900                 905                 910
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
        915                 920                 925

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
    930                 935                 940
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
945                 950                 955                 960
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 762

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 762

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gggcgcgcca 2460
acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc 2520
gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc 2580
acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg gagagcgcta ccccggagag cgggccagga 2640

actagtactg agcctagcga gggaagtgca cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag 2700
tctggccctg gctctccagc gggctcaccc acgagcactg aagagggctc tcccgctggc 2760
agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt 2820
acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg 2880
agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 763

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 763

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Gly
820 825 830

Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
835 840 845

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
850 855 860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
865 870 875 880

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
885 890 895

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
900 905 910

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
915 920 925

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
930 935 940

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
945 950 955 960

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
965 970 975

Pro Gly Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 764
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 764

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc 2520

cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca 2580

gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca 2640

ccaggaacat cggagagcgc taccccggag agcgggccag gaactagtac tgagcctagc 2700

gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc gccacacccg agtctggccc tggctctcca 2760

gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa 2820

gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca acagaggagg gtacatcaga atctgctact 2880

cccgagagtg gacccggtac ctccactgag cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg 2940

agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 765
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 765

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr

850 855 860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
865 870 875 880
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
885 890 895
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
900 905 910
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
915 920 925

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
930 935 940
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
945 950 955 960
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
965 970 975
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
980 985 990

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 766
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 766

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggcgc gccaacgtcc 2580

gaaagtgcta cccctgagtc aggccctggt agtgagcctg ccacaagcgg aagcgaaact 2640

ccggggacct cagagtctgc cactcccgaa tcggggccag gctctgaacc ggccacttca 2700

gggagcgaaa caccaggaac atcggagagc gctaccccgg agagcgggcc aggaactagt 2760

actgagccta gcgagggaag tgcacctggt acaagcgagt ccgccacacc cgagtctggc 2820

cctggctctc cagcgggctc acccacgagc actgaagagg gctctcccgc tggcagccca 2880

acgtcgacag aagaaggatc accagcaggc tcccccacat caacagagga gggtacatca 2940

gaatctgcta ctcccgagag tggacccggt acctccactg agcccagcga ggggagtgca 3000

ccaggtgcct cgagcggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 767

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 767

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1010 1015 1020
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1025 1030 1035
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1040 1045 1050

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1055 1060 1065
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1070 1075 1080
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1085 1090 1095
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1100 1105 1110

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1115 1120 1125
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1130 1135 1140
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1145 1150 1155

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 768

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 768

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3060

acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 3120

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 3180

tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 3240

acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 3300

tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 3360

tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 3420

ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 3480

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 769

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 769

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

1010 1015 1020

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1025 1030 1035

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1040 1045 1050

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1055 1060 1065

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1070 1075 1080

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1100 1105 1110

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1130 1135 1140

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 770

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 770

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3060

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3120

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3180

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3240

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3300

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3360

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3420

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3480

ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 771

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 771

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

```
        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
            820                 825                 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
        835                 840                 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
            980                 985                 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
        995                 1000                1005
```

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1010 1015 1020
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1025 1030 1035
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1040 1045 1050

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1055 1060 1065
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1070 1075 1080
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1085 1090 1095
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1100 1105 1110

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1115 1120 1125
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1130 1135 1140
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 772

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 772

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3060

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 3120
gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 3180
agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 3240
ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 3300
agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 3360
ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 3420
ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 773

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 773

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
995 1000 1005
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1010 1015 1020
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1025 1030 1035
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1040 1045 1050

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1055 1060 1065

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1070 1075 1080

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1085 1090 1095

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1100 1105 1110

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1115 1120 1125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1130 1135 1140

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 774
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 774

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3060

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 3120

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 3180

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 3240

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 3300

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 3360

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 3420

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 775
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 775

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 776

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 776

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 777

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 777

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

```
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                 1390                 1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                 1405                 1410

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                 1420                 1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1430                 1435                 1440
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1445                 1450                 1455
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1460                 1465                 1470

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1475                 1480                 1485
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1490                 1495                 1500
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1505                 1510                 1515
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1520                 1525                 1530

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1535                 1540                 1545
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1550                 1555                 1560
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1565                 1570                 1575
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Gly Ser Pro
    1580                 1585                 1590

Gly Ala  Glu Thr Ala Glu Gln  Lys Leu Ile Ser Glu  Glu Asp Leu
    1595                 1600                 1605
Ser Pro  Ala Thr Gly His His  His His His His His
```

1610 1615

<210> 778

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 778

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 779

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 779

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
85 90 95

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
130 135 140

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 780

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 780

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtggcg cgccaacatc agagagcgcc acccctgaaa gtggtcccgg gagcgagcca 120

gccacatctg ggtcggaaac gccaggcaca agtgagtctg caactcccga gtccggacct 180

ggctccgagc ctgccactag cggctccgag actccgggaa cttccgagag cgctacacca 240

gaaagcggac ccggaaccag taccgaacct agcgagggct ctgctccggg cagcccagcc 300

ggctctccta catccacgga ggagggcact tccgaatccg ccaccccgga gtcagggcca 360

ggatctgaac ccgctacctc aggcagtgag acgccaggaa cgagcgagtc cgctacaccg 420

gagagtgggc cagggagccc tgctggatct cctacgtcca ctgaggaagg gtcaccagcg 480

ggctcgccca ccagcactga agaaggtgcc tcgagcgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 781

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 781

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
20 25 30

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
35 40 45
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
50 55 60
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
65 70 75 80
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
85 90 95

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
100 105 110
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
115 120 125
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
130 135 140
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
145 150 155 160

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 782

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 782

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtggcg cgccaggctc cagcccctcc gcgagcacgg gaaccggacc aggttcgtca 120

ccctcagcat caacggggac gggaccgggg gcgtcaccag gaacgtcctc caccggctcg 180

ccgggtgcat cacccggaac gtcatcgacc ggatcgccag ggagctcgac gccatcaggc 240

gcaacaggat cacctggctc aagccctagc gcgtcaaccg gcacgggtcc gggtgcctcc 300

cctggcacgt ccagcaccgg atcacccgga tcgagcccat ccgcctcaac cggaaccgga 360

cccggtacac cagggtcggg aacagcctcc tcgtcaccag gctcctcaac cccctcggga 420

gccacgggtt cgcccggttc gtcaacgcct tccggagcaa ctggtagccc cggagcatcg 480

ccaggaactt cgagcacggg gtcgcccgcc tcgagcgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 783

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 783

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

145 150 155 160

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 784

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 784

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 785
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 785

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

```
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
        115                 120                 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
    130                 135                 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145                 150                 155                 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
```

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 786
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 786

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180
tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240
acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300
ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360
accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420
acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480
cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 787

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 787

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

165 170 175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 788

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 788

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccaccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180

tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240

gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300

ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360

cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420

gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480

gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 789

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 789

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 790

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 790

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 791

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 791

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro
210 215 220

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
225 230 235 240
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
245 250 255
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

260 265 270

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

275 280 285

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

290 295 300

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

305 310 315 320

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

325 330 335

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

340 345 350

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 792

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 792

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttggg cgcgccaacc 660

agtacggagc cgtccgaggg gagcgcacca ggaagcccgg ctgggagccc gacttctacc 720

gaagagggta catctaccga accaagtgaa ggttcagcac caggcacctc aacagaaccc 780

tctgagggct cggcgcctgg tacaagtgag tccgccaccc cagaatccgg gcctgggaca 840

agcacagaac cttcggaagg gagtgcccct ggaacatccg aatcggcaac cccagaatca 900

gggccaggat ctgagcccgc gacttcgggc tccgagacgc ctgggacatc caccgagccc 960

tccgaaggat cagccccagg caccagcacg gagccctctg agggaagcgc acctggtacc 1020

agcgaaagcg caactcccga atcaggtccc ggtacgagcg agtcggcgac cccggagagc 1080

gggccaggtg cctcgagcat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 793

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 793

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly

210 215 220

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

225 230 235 240

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

245 250 255

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

260 265 270

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

275 280 285

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

290 295 300

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

305 310 315 320

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
325 330 335
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
340 345 350

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 794
<211> 4860
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 794

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttggg cgcgccaggt 660

gcctcgccgg gaacatcatc aactggttca cccgggtcat ccccctcggc ctcaaccggg 720

acgggtcccg gctcatcccc cagcgccagc actggaacag gtcctggcac tcctggttcc 780

ggtacggcat cgtcatcccc gggaagctca acaccgtccg gagcgacagg atcacctggc 840

tcgtcacctt cggcgtcaac tggaacgggg ccaggggcct cacccggaac gtcctcgact 900

gggtcgcctg gtacgccggg atcaggaacg gcctcatcct cgcctgggtc ctcaacgccc 960

tcgggtgcga ctggttcgcc gggaactcct ggctcgggga cggcctcgtc gtcgcctggg 1020

gcatcaccgg ggacgagctc cacggggtcc cctggagcgt caccggggac ctcctcgaca 1080

ggtagcccgg cctcgagcat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca tatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 795
<211> 1622
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 795

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Ser Val Ala Gly Ala Pro Gly Ala Ser

370 375 380

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

385 390 395 400

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

405 410 415

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

420 425 430

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

435 440 445

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

450 455 460

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

465 470 475 480

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

485 490 495

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

500 505 510

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

515 520 525

Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu

530 535 540

Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr

545 550 555 560

Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr

565 570 575

Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg

580 585 590

Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly

595 600 605

Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg
610 615 620
Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr
625 630 635 640
Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile
645 650 655
Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp
660 665 670

Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser
675 680 685
Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu
690 695 700
Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met
705 710 715 720
Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg
725 730 735

Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala
740 745 750
Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His
755 760 765
Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu
770 775 780
His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp
785 790 795 800

Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val
805 810 815
Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe
820 825 830
Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser
835 840 845
Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys

850 855 860

Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser
865 870 875 880
Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser
885 890 895
Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr
900 905 910
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser
915 920 925

Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn
930 935 940
Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala
945 950 955 960
Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val
965 970 975
Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
980 985 990

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
995 1000 1005
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1010 1015 1020
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1025 1030 1035
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1040 1045 1050

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1055 1060 1065
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1070 1075 1080
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1085 1090 1095

```
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1100                1105                1110

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1115                1120                1125
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1130                1135                1140
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1145                1150                1155
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1160                1165                1170

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1175                1180                1185
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1190                1195                1200
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1205                1210                1215
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1220                1225                1230

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1235                1240                1245
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1250                1255                1260
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1265                1270                1275
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1280                1285                1290

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1295                1300                1305
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1310                1315                1320
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
```

1325 1330 1335

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1340 1345 1350

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1355 1360 1365

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1370 1375 1380

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1385 1390 1395

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1400 1405 1410

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1415 1420 1425

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1430 1435 1440

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1445 1450 1455

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1460 1465 1470

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1475 1480 1485

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1490 1495 1500

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1505 1510 1515

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1520 1525 1530

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1535 1540 1545

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1550 1555 1560

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1565 1570 1575
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1580 1585 1590

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1595 1600 1605
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615 1620

<210> 796
<211> 4869
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 796

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgcctctgt agcaggcgcg 1140

ccaggtgcct cgccgggaac atcatcaact ggttcacccg ggtcatcccc ctcggcctca 1200

accgggacgg gtcccggctc atcccccagc gccagcactg gaacaggtcc tggcactcct 1260

ggttccggta cggcatcgtc atccccggga agctcaacac cgtccggagc gacaggatca 1320

cctggctcgt caccttcggc gtcaactgga acggggccag gggcctcacc cggaacgtcc 1380

tcgactgggt cgcctggtac gccgggatca ggaacggcct catcctcgcc tgggtcctca 1440

acgccctcgg gtgcgactgg ttcgccggga actcctggct cggggacggc ctcgtcgtcg 1500

cctggggcat caccggggac gagctccacg gggtcccctg gagcgtcacc ggggacctcc 1560

tcgacaggta gcccggcctc gagcaagaag catcctaaaa cttgggtaca ttacattgct 1620

gctgaagagg aggactggga ctatgctccc ttagtcctcg cccccgatga cagaagttat 1680

aaaagtcaat atttgaacaa tggccctcag cggattggta ggaagtacaa aaaagtccga 1740

tttatggcat acacagatga aacctttaag actcgtgaag ctattcagca tgaatcagga 1800

atcttgggac ctttacttta tggggaagtt ggagacacac tgttgattat atttaagaat 1860

caagcaagca gaccatataa catctaccct cacggaatca ctgatgtccg tcctttgtat 1920

tcaaggagat taccaaaagg tgtaaaacat ttgaaggatt ttccaattct gccaggagaa 1980

atattcaaat ataaatggac agtgactgta gaagatgggc caactaaatc agatcctcgg 2040

tgcctgaccc gctattactc tagtttcgtt aatatggaga gagatctagc ttcaggactc 2100

attggccctc tcctcatctg ctacaaagaa tctgtagatc aaagaggaaa ccagataatg 2160

tcagacaaga ggaatgtcat cctgttttct gtatttgatg agaaccgaag ctggtacctc 2220

acagagaata tacaacgctt tctccccaat ccagctggag tgcagcttga ggatccagag 2280

ttccaagcct ccaacatcat gcacagcatc aatggctatg tttttgatag tttgcagttg 2340

tcagtttgtt tgcatgaggt ggcatactgg tacattctaa gcattggagc acagactgac 2400

ttcctttctg tcttcttctc tggatatacc ttcaaacaca aaatggtcta tgaagacaca 2460

ctcaccctat tcccattctc aggagaaact gtcttcatgt cgatggaaaa cccaggtcta 2520

tggattctgg ggtgccacaa ctcagacttt cggaacagag gcatgaccgc cttactgaag 2580

gtttctagtt gtgacaagaa cactggtgat tattacgagg acagttatga agatatttca 2640

gcatacttgc tgagtaaaaa caatgccatt gaaccaagaa gcttctctca aaacccacca 2700

gtcttgaaac gccatcaacg ggaaataact cgtactactc ttcagtcaga tcaagaggaa 2760

atcgattatg atgataccat atcagttgaa atgaagaagg aagattttga catttatgat 2820

gaggatgaaa atcagagccc ccgcagcttt caaaagaaaa cacgacacta ttttattgct 2880

gcagtggaga ggctctggga ttatgggatg agtagctccc cacatgttct aagaaacagg 2940

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3000

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3060

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3120

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3180

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3240

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3300

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3360

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3420

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 3480

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 3540

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 3600

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 3660

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 3720

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 3780

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 3840

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 3900

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 3960

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4020

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4080

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 4140

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 4200

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 4260

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 4320

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 4380

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 4440

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 4500

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 4560

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 4620

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 4680

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 4740

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 4800

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 4860

caccattga 4869

<210> 797

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 797

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gly Ala Pro Thr Ser Thr

435 440 445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

450 455 460

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

485 490 495

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

500 505 510

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

515 520 525

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr

530 535 540

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

545 550 555 560

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 798

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 798

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattggcg cgccaaccag tacggagccg tccgagggga gcgcaccagg aagcccggct 1380

gggagcccga cttctaccga agagggtaca tctaccgaac caagtgaagg ttcagcacca 1440

ggcacctcaa cagaaccctc tgagggctcg gcgcctggta caagtgagtc cgccacccca 1500

gaatccgggc ctgggacaag cacagaacct tcggaaggga gtgcccctgg aacatccgaa 1560

tcggcaaccc cagaatcagg gccaggatct gagcccgcga cttcgggctc cgagacgcct 1620

gggacatcca ccgagccctc cgaaggatca gccccaggca ccagcacgga gccctctgag 1680

ggaagcgcac ctggtaccag cgaaagcgca actcccgaat caggtcccgg tacgagcgag 1740

tcggcgaccc cggagagcgg gccaggtgcc tcgagccagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 799

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 799

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gly Ala Pro Gly Ala Ser

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

450 455 460

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
465 470 475 480
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
485 490 495
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
500 505 510
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

515 520 525
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
530 535 540
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
545 550 555 560
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
565 570 575
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 800

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 800

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattggcg cgccaggtgc ctcgccggga acatcatcaa ctggttcacc cgggtcatcc 1380

ccctcggcct caaccgggac gggtcccggc tcatccccca gcgccagcac tggaacaggt 1440

cctggcactc ctggttccgg tacggcatcg tcatccccgg gaagctcaac accgtccgga 1500

gcgacaggat cacctggctc gtcaccttcg gcgtcaactg gaacggggcc aggggcctca 1560

cccggaacgt cctcgactgg gtcgcctggt acgccgggat caggaacggc ctcatcctcg 1620

cctgggtcct caacgccctc gggtgcgact ggttcgccgg gaactcctgg ctcggggacg 1680

gcctcgtcgt cgcctggggc atcaccgggg acgagctcca cggggtcccc tggagcgtca 1740

ccggggacct cctcgacagg tagcccggcc tcgagccagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 801

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 801

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

945 950 955 960

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

965 970 975

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

980 985 990

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

995 1000 1005

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1010 1015 1020

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1025 1030 1035

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

```
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln

    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His

    1325                1330                1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                1345                1350
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                1360                1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                1375                1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro

    1385                1390                1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                1405                1410
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                1420                1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1430                1435                1440
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr

    1445                1450                1455
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1460                1465                1470
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
```

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 802

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 802

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagggcg cgccaacgtc cgaaagtgct acccctgagt caggccctgg tagtgagcct 2760

gccacaagcg gaagcgaaac tccggggacc tcagagtctg ccactcccga atcggggcca 2820

ggctctgaac cggccacttc agggagcgaa acaccaggaa catcggagag cgctaccccg 2880

gagagcgggc caggaactag tactgagcct agcgagggaa gtgcacctgg tacaagcgag 2940

tccgccacac ccgagtctgg ccctggctct ccagcgggct cacccacgag cactgaagag 3000

ggctctcccg ctggcagccc aacgtcgaca gaagaaggat caccagcagg ctcccccaca 3060

tcaacagagg agggtacatc agaatctgct actcccgaga gtggacccgg tacctccact 3120

gagcccagcg aggggagtgc accaggtgcc tcgagcaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 803

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 803

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

900 905 910

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

915 920 925

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

945 950 955 960

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

965 970 975

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1025 1030 1035

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 804

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 804

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2760
cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2820
cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2880
actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2940

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3000
cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3060
gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3120
ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagcaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 805

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 805

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

```
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn


    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp


        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu


            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg


                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
```

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Gly Ala Pro Thr

900 905 910

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

915 920 925

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

930 935 940

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

945 950 955 960

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

965 970 975

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

980 985 990

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

995 1000 1005

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1010 1015 1020

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1025 1030 1035

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Ser Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro

    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val

    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln

    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 806

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 806

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctggcgcg ccaacgtccg aaagtgctac ccctgagtca 2760

ggccctggta gtgagcctgc cacaagcgga agcgaaactc cggggacctc agagtctgcc 2820

actcccgaat cggggccagg ctctgaaccg gccacttcag ggagcgaaac accaggaaca 2880

tcggagagcg ctaccccgga gagcgggcca ggaactagta ctgagcctag cgagggaagt 2940

gcacctggta caagcgagtc cgccacaccc gagtctggcc ctggctctcc agcgggctca 3000

cccacgagca ctgaagaggg ctctcccgct ggcagcccaa cgtcgacaga agaaggatca 3060

ccagcaggct cccccacatc aacagaggag ggtacatcag aatctgctac tcccgagagt 3120

ggacccggta cctccactga gcccagcgag gggagtgcac caggtgcctc gagcagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 807

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 807

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Gly Ala Pro Gly

900 905 910

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

915 920 925

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

930 935 940

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

945 950 955 960

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

965 970 975

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

980 985 990

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

995 1000 1005

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1010 1015 1020

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1025 1030 1035

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1040 1045 1050

Ser Pro Ala Ser Ser Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 808

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 808

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctggcgcg ccaggtacac ccggatcggg tacagcgtca 2760

tcgagccccg gtgcgtcacc tggtacgtcg agcacggggt cgccaggggc gtcccctggg 2820

acgtcctcaa caggctcgcc cggtgcgtca cccggcacgt cgtccacggg ttcacctggt 2880

agctcccctt ccgcgtccac tggcaccggg cctggaactc cggggagcgg cacagcgagc 2940

tcgtcgccgg gagcatcgcc tgggacatcg agcaccgggt cgccaggagc atcgcccgga 3000

acatccagca caggaagccc cggcgcgtcg cccgggacat caagcacagg ttccccggga 3060

tcgagcacgc cgtccggagc cactggatca ccagggagct cgacaccttc cggcgcaacg 3120

ggatcgcccg gagccagccc gggtacgtca agcactggct cccctgcctc gagcagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 809

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 809

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu

740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

755 760 765

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

785 790 795 800

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

```
Leu Ile  Ser Tyr Glu Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg
    1190                 1195                 1200
Lys Asn  Phe Val Lys Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys

    1205                 1210                 1215
Val Gln  His His Met Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys
    1220                 1225                 1230
Ala Trp  Ala Tyr Phe Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His
    1235                 1240                 1245
Ser Gly  Leu Ile Gly Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu
    1250                 1255                 1260
Asn Pro  Ala His Gly Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu

    1265                 1270                 1275
Phe Phe  Thr Ile Phe Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu
    1280                 1285                 1290
Asn Met  Glu Arg Asn Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu
    1295                 1300                 1305
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1310                 1315                 1320
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln

    1325                 1330                 1335
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1340                 1345                 1350
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1355                 1360                 1365
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1370                 1375                 1380
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val

    1385                 1390                 1395
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1400                 1405                 1410
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
```

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1730 1735 1740

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1745 1750 1755

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1760 1765 1770

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1775 1780 1785

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1790 1795 1800

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1805 1810 1815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1820 1825 1830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1835 1840 1845

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1850 1855 1860

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1865 1870 1875

Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 810

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 810

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaacatc taccgagcct 5220

tccgaaggct ctgcccctgg gacctcagaa tctgcaaccc ctgaaagcgg ccctggaacc 5280

tccgaaagtg ccactcccga gagcggccca gggacaagcg agtcagcaac ccctgagtct 5340

ggacccggca gcgagcctgc aacctctggc tcagagactc ccggctcaga acccgctacc 5400

tcaggctccg agacacccgg ctctcctgct gggagtccca cttccaccga ggaaggaaca 5460

tccactgagc ctagtgaggg ctctgcccct ggaaccagca cagagccaag tgagggcagt 5520

gcaccaggat ccgagccagc aaccagcggg tccgagactc ccgggacctc tgagtctgcc 5580

accccagaga gcggacccgg cacttcaacc gagccctccg aaggatcagc accaggtgcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 811

<211> 1759

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 811

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser

1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1595 1600 1605

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1610 1615 1620

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1625 1630 1635

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

1640 1645 1650

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1655 1660 1665

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1670 1675 1680

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1685 1690 1695

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1700 1705 1710

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1715 1720 1725

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

1730 1735 1740

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

1745 1750 1755

His

<210> 812

<211> 5280

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 812

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaacatcta ccgagccttc cgaaggctct 4800
gcccctggga cctcagaatc tgcaacccct gaaagcggcc ctggaacctc cgaaagtgcc 4860

actcccgaga gcggcccagg gacaagcgag tcagcaaccc ctgagtctgg acccggcagc 4920

gagcctgcaa cctctggctc agagactccc ggctcagaac ccgctacctc aggctccgag 4980

acacccggct ctcctgctgg gagtcccact tccaccgagg aaggaacatc cactgagcct 5040

agtgagggct ctgcccctgg aaccagcaca gagccaagtg agggcagtgc accaggatcc 5100

gagccagcaa ccagcgggtc cgagactccc gggacctctg agtctgccac cccagagagc 5160

ggacccggca cttcaaccga gccctccgaa ggatcagcac caggtgcctc gagcgaacaa 5220

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5280

<210> 813

<211> 1759

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 813

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser
1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1595 1600 1605

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1610 1615 1620
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1625 1630 1635
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
1640 1645 1650
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1655 1660 1665

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1670 1675 1680
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1685 1690 1695
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1700 1705 1710
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1715 1720 1725

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile
1730 1735 1740
Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His
1745 1750 1755
His

<210> 814
<211> 5280
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 814
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaacatcta ccgagccttc cgaaggctct 4800

gcccctggga cctcagaatc tgcaacccct gaaagcggcc ctggaacctc cgaaagtgcc 4860

actcccgaga gcggcccagg gacaagcgag tcagcaaccc ctgagtctgg acccggcagc 4920

gagcctgcaa cctctggctc agagactccc ggctcagaac ccgctacctc aggctccgag 4980

acacccggct ctcctgctgg gagtcccact tccaccgagg aaggaacatc cactgagcct 5040

agtgagggct ctgcccctgg aaccagcaca gagccaagtg agggcagtgc accaggatcc 5100

gagccagcaa ccagcgggtc cgagactccc gggacctctg agtctgccac cccagagagc 5160

ggacccggca cttcaaccga gccctccgaa ggatcagcac caggtgcctc gagcgaacaa 5220

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5280

<210> 815

<211> 1759

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 815

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

```
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                 1210                 1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                 1225                 1230

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                 1240                 1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                 1255                 1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                 1270                 1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                 1285                 1290

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                 1300                 1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                 1315                 1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                 1330                 1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                 1345                 1350

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                 1360                 1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                 1375                 1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                 1390                 1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                 1405                 1410

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                 1420                 1425
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
```

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser

1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1595 1600 1605

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1610 1615 1620

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1625 1630 1635

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

1640 1645 1650

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1655 1660 1665

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1670 1675 1680
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1685 1690 1695
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1700 1705 1710

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1715 1720 1725
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile
1730 1735 1740
Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His
1745 1750 1755
His

<210> 816
<211> 5280
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide
<400> 816
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580
ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640
ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaacatcta ccgagccttc cgaaggctct 4800

gcccctggga cctcagaatc tgcaacccct gaaagcggcc ctggaacctc cgaaagtgcc 4860

actcccgaga gcggcccagg gacaagcgag tcagcaaccc ctgagtctgg acccggcagc 4920

gagcctgcaa cctctggctc agagactccc ggctcagaac ccgctacctc aggctccgag 4980

acacccggct ctcctgctgg gagtcccact tccaccgagg aaggaacatc cactgagcct 5040

agtgagggct ctgcccctgg aaccagcaca gagccaagtg agggcagtgc accaggatcc 5100

gagccagcaa ccagcgggtc cgagactccc gggacctctg agtctgccac cccagagagc 5160

ggacccggca cttcaaccga gccctccgaa ggatcagcac caggtgcctc gagcgaacaa 5220

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5280

<210> 817

<211> 1759

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 817

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser

1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1595 1600 1605

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1610 1615 1620

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1625 1630 1635

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

1640 1645 1650

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1655 1660 1665

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1670 1675 1680

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1685 1690 1695

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1700 1705 1710

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1715 1720 1725

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

1730 1735 1740

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

1745 1750 1755

His

<210> 818

<211> 5280

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 818

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaacatcta ccgagccttc cgaaggctct 4800

gcccctggga cctcagaatc tgcaacccct gaaagcggcc ctggaacctc cgaaagtgcc 4860

actcccgaga gcggcccagg gacaagcgag tcagcaaccc ctgagtctgg acccggcagc 4920
gagcctgcaa cctctggctc agagactccc ggctcagaac ccgctacctc aggctccgag 4980
acacccggct ctcctgctgg gagtcccact tccaccgagg aaggaacatc cactgagcct 5040
agtgagggct ctgcccctgg aaccagcaca gagccaagtg agggcagtgc accaggatcc 5100
gagccagcaa ccagcgggtc cgagactccc gggacctctg agtctgccac cccagagagc 5160
ggacccggca cttcaaccga gccctccgaa ggatcagcac caggtgcctc gagcgaacaa 5220
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5280

<210> 819
<211> 1903
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 819

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
755 760 765
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
770 775 780
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
785 790 795 800
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
820 825 830
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
835 840 845
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
850 855 860
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
885 890 895
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
900 905 910
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
915 920 925
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
945 950 955 960
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
965 970 975
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
980 985 990
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1010 1015 1020
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170
Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230
Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1310 1315 1320
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1325 1330 1335
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1670 1675 1680
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1685 1690 1695
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1730 1735 1740
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1745 1750 1755
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1760 1765 1770
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1775 1780 1785

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1790 1795 1800
Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1805 1810 1815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1820 1825 1830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1835 1840 1845

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1850 1855 1860

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1865 1870 1875

Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 820

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 820

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaacatc taccgagcct 5220

tccgaaggct ctgcccctgg gacctcagaa tctgcaaccc ctgaaagcgg ccctggaacc 5280

tccgaaagtg ccactcccga gagcggccca gggacaagcg agtcagcaac ccctgagtct 5340

ggacccggca gcgagcctgc aacctctggc tcagagactc ccggctcaga acccgctacc 5400

tcaggctccg agacacccgg ctctcctgct gggagtccca cttccaccga ggaaggaaca 5460

tccactgagc ctagtgaggg ctctgcccct ggaaccagca cagagccaag tgagggcagt 5520

gcaccaggat ccgagccagc aaccagcggg tccgagactc ccgggacctc tgagtctgcc 5580

accccagaga gcggacccgg cacttcaacc gagccctccg aaggatcagc accaggtgcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 821

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 821

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1730 1735 1740

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1745 1750 1755

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1760 1765 1770

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1775 1780 1785

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1790 1795 1800

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1805 1810 1815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1820 1825 1830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1835 1840 1845

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1850 1855 1860

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1865 1870 1875

Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 822

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 822

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280
cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400
ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580
ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700
gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccctc cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaacatc taccgagcct 5220

tccgaaggct ctgcccctgg gacctcagaa tctgcaaccc ctgaaagcgg ccctggaacc 5280

tccgaaagtg ccactcccga gagcggccca gggacaagcg agtcagcaac ccctgagtct 5340

ggacccggca gcgagcctgc aacctctggc tcagagactc ccggctcaga acccgctacc 5400

tcaggctccg agacacccgg ctctcctgct gggagtccca cttccaccga ggaaggaaca 5460

tccactgagc ctagtgaggg ctctgcccct ggaaccagca cagagccaag tgagggcagt 5520

gcaccaggat ccgagccagc aaccagcggg tccgagactc ccgggacctc tgagtctgcc 5580

accccagaga gcggacccgg cacttcaacc gagccctccg aaggatcagc accaggtgcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 823

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 823

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
965 970 975
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

```
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1340                1345                1350
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1355                1360                1365
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1370                1375                1380

Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1385                1390                1395
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1400                1405                1410
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1415                1420                1425
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1430                1435                1440

Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1445                1450                1455
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1460                1465                1470
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    1475                1480                1485
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1490                1495                1500

Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1505                1510                1515
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    1520                1525                1530
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
    1535                1540                1545
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1550                1555                1560

Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu
```

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1730 1735 1740

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1745 1750 1755

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1760 1765 1770

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1775 1780 1785

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1790 1795 1800

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1805 1810 1815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1820 1825 1830

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1835 1840 1845

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1850 1855 1860

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1865 1870 1875

Gly Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1895 1900

<210> 824

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 824

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700
gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccct cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940
ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360
agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900
gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960
atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020
cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080
catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140
ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200
cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaacatc taccgagcct 5220

tccgaaggct ctgcccctgg gacctcagaa tctgcaaccc ctgaaagcgg ccctggaacc 5280

tccgaaagtg ccactcccga gagcggccca gggacaagcg agtcagcaac ccctgagtct 5340

ggacccggca gcgagcctgc aacctctggc tcagagactc ccggctcaga acccgctacc 5400

tcaggctccg agacacccgg ctctcctgct gggagtccca cttccaccga ggaaggaaca 5460

tccactgagc ctagtgaggg ctctgcccct ggaaccagca cagagccaag tgagggcagt 5520

gcaccaggat ccgagccagc aaccagcggg tccgagactc ccgggacctc tgagtctgcc 5580

accccagaga gcggacccgg cacttcaacc gagccctccg aaggatcagc accaggtgcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 825

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 825

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

```
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705                 710                 715                 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
```

740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

755 760 765

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

785 790 795 800

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1460 1465 1470
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1475 1480 1485
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1490 1495 1500
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1520 1525 1530
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1535 1540 1545
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1550 1555 1560
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1655 1660 1665
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1670 1675 1680
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1745 1750 1755

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1760 1765 1770

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1775 1780 1785

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1790 1795 1800

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1835 1840 1845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1850 1855 1860

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1865 1870 1875

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 826

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 826

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900
gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960
atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020
cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080
catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140
ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200
cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320
ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380
gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440
attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500
tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560
ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620
aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740
gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800
gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860
cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920
acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980
ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040
aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg 5220

tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc 5280

gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc 5340

acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg 5400

ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca 5460

ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc agccccggaa cccctggttc gggtacggcg 5520

tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc 5580

ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 827

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 827

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

```
Phe Ile  Ala Ala Val Glu Arg  Leu Trp Asp Tyr Gly  Met Ser Ser
    1100                1105                1110
Ser Pro  His Val Leu Arg Asn  Arg Ala Gln Ser Gly  Ser Val Pro
    1115                1120                1125
Gln Phe  Lys Lys Val Val Phe  Gln Glu Phe Thr Asp  Gly Ser Phe
    1130                1135                1140
Thr Gln  Pro Leu Tyr Arg Gly  Glu Leu Asn Glu His  Leu Gly Leu

    1145                1150                1155
Leu Gly  Pro Tyr Ile Arg Ala  Glu Val Glu Asp Asn  Ile Met Val
    1160                1165                1170
Thr Phe  Arg Asn Gln Ala Ser  Arg Pro Tyr Ser Phe  Tyr Ser Ser
    1175                1180                1185
Leu Ile  Ser Tyr Glu Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg
    1190                1195                1200
Lys Asn  Phe Val Lys Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys

    1205                1210                1215
Val Gln  His His Met Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys
    1220                1225                1230
Ala Trp  Ala Tyr Phe Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His
    1235                1240                1245
Ser Gly  Leu Ile Gly Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu
    1250                1255                1260
Asn Pro  Ala His Gly Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu

    1265                1270                1275
Phe Phe  Thr Ile Phe Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu
    1280                1285                1290
Asn Met  Glu Arg Asn Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu
    1295                1300                1305
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1310                1315                1320
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
```

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1745 1750 1755

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1760 1765 1770

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1775 1780 1785

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1790 1795 1800

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1835 1840 1845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1850 1855 1860

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1865 1870 1875

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 828

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 828

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320
ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380
gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440
attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500
tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560
ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620
aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740
gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800
gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860
cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920
acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980
ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040
aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160
atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg 5220
tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc 5280
gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc 5340
acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg 5400
ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca 5460
ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc agccccggaa cccctggttc gggtacggcg 5520

tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc 5580
ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc 5640
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700
catcaccatt ga 5712

<210> 829

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 829

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu

740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

755 760 765

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

785 790 795 800

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1745 1750 1755

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1760 1765 1770

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1775 1780 1785

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1790 1795 1800

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1835 1840 1845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1850 1855 1860

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1865 1870 1875

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 830

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 830

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160
atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg 5220
tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc 5280
gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc 5340
acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg 5400
ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca 5460
ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc agccccggaa cccctggttc gggtacggcg 5520

tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc 5580
ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc 5640
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700
catcaccatt ga 5712

<210> 831

<211> 2047

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 831

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
740 745 750
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
755 760 765
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
785 790 795 800
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
805 810 815
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
820 825 830
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

```
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1550                 1555                 1560
Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu

    1565                 1570                 1575
Gly Met  Glu Ser Lys Ala Ile  Ser Asp Ala Gln Ile  Thr Ala Ser
    1580                 1585                 1590
Ser Tyr  Phe Thr Asn Met Phe  Ala Thr Trp Ser Pro  Ser Lys Ala
    1595                 1600                 1605
Arg Leu  His Leu Gln Gly Arg  Ser Asn Ala Trp Arg  Pro Gln Val
    1610                 1615                 1620
Asn Asn  Pro Lys Glu Trp Leu  Gln Val Asp Phe Gln  Lys Thr Met

    1625                 1630                 1635
Lys Val  Thr Gly Val Thr Thr  Gln Gly Val Lys Ser  Leu Leu Thr
    1640                 1645                 1650
Ser Met  Tyr Val Lys Glu Phe  Leu Ile Ser Ser Ser  Gln Asp Gly
    1655                 1660                 1665
His Gln  Trp Thr Leu Phe Phe  Gln Asn Gly Lys Val  Lys Val Phe
    1670                 1675                 1680
Gln Gly  Asn Gln Asp Ser Phe  Thr Pro Val Val Asn  Ser Leu Asp

    1685                 1690                 1695
Pro Pro  Leu Leu Thr Arg Tyr  Leu Arg Ile His Pro  Gln Ser Trp
    1700                 1705                 1710
Val His  Gln Ile Ala Leu Arg  Met Glu Val Leu Gly  Cys Glu Ala
    1715                 1720                 1725
Gln Asp  Leu Tyr Gly Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1730                 1735                 1740
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr

    1745                 1750                 1755
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1760                 1765                 1770
Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
```

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1790 1795 1800

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1820 1825 1830

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1835 1840 1845

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1895 1900 1905

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

1940 1945 1950

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1970 1975 1980

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln
2015 2020 2025
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
2030 2035 2040
His His His His
2045

<210> 832

<211

> 6144

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 832

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280
ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340
gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460
gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520
gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580
tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640
ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700
ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760
agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct 5220

gctacccccg agtcagggcc aggatcagag ccagccacct ccgggtctga gacacccggg 5280

acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc 5340

gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc ccagagtcag gaccaggaac atctacagag 5400

ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga 5460

acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc 5520

gagacaccag gcacctctga gtccgccaca ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg 5580

agccccacct ccactgagga gggatctcct gctggctctc caacatctac tgaggaaggt 5640

acctcaaccg agccatccga gggatcagct cccggcacct cagagtcggc aaccccggag 5700

tctggacccg gaacttccga aagtgccaca ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca 5760

gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga 5820

tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca cccggatctc cggcaggctc accaacctcc 5880

actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc gagggctccg cacccggaac aagcactgaa 5940

cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc 6000

acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc 6060

agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120

ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 833

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 833

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1580 1585 1590

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1595 1600 1605

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1610 1615 1620

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1625 1630 1635

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1640 1645 1650

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1655 1660 1665

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1670 1675 1680

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1685 1690 1695
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1700 1705 1710
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1715 1720 1725

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1730 1735 1740
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1745 1750 1755
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1760 1765 1770
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1775 1780 1785

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1790 1795 1800
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1805 1810 1815
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1820 1825 1830
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1835 1840 1845

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1850 1855 1860
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1865 1870 1875
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
1880 1885 1890
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1895 1900

<210> 834

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 834

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 4800

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 4860

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 4920

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 4980

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5040

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 5100

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 5160

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 5220

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 5280

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 5340

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 5400

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 5460

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 5520

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 5580

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 835

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 835

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys

    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met

    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His

    1250                1255                1260
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro

    1310                1315                1320
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1580 1585 1590

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1595 1600 1605

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1610 1615 1620

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1625 1630 1635

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1640 1645 1650

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1655 1660 1665

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1670 1675 1680

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1685 1690 1695

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1700 1705 1710

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1715 1720 1725

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1730 1735 1740

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1745 1750 1755

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1760 1765 1770

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1775 1780 1785

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1835 1840 1845

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1850 1855 1860

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1865 1870 1875

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 836

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 836

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 4800

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 4860

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 4920

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 4980

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5040

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 5100

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 5160

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 5220

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 5280

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 5340

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 5400

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 5460

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 5520

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 5580

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 837

<211> 2047

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 837

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110
Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170
Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1445 1450 1455
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1460 1465 1470
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1475 1480 1485
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1505 1510 1515
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1520 1525 1530
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1535 1540 1545
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1565 1570 1575
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1655 1660 1665
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1685 1690 1695
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1715 1720 1725
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1730 1735 1740

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1745 1750 1755
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1760 1765 1770
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1775 1780 1785
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1790 1795 1800

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1805 1810 1815
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1820 1825 1830
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1835 1840 1845
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1865 1870 1875
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1895 1900 1905

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1940 1945 1950
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1970 1975 1980

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2000 2005 2010
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln
2015 2020 2025
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
2030 2035 2040

His His His His
2045

<210> 838
<211> 6144
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 838
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct 5220

gctacccccg agtcagggcc aggatcagag ccagccacct ccgggtctga gacacccggg 5280

acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc 5340

gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc ccagagtcag gaccaggaac atctacagag 5400

ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga 5460

acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc 5520

gagacaccag gcacctctga gtccgccaca ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg 5580

agccccacct ccactgagga gggatctcct gctggctctc caacatctac tgaggaaggt 5640

acctcaaccg agccatccga gggatcagct cccggcacct cagagtcggc aaccccggag 5700

tctggacccg gaacttccga aagtgccaca ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca 5760

gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga 5820
tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca cccggatctc cggcaggctc accaacctcc 5880
actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc gagggctccg cacccggaac aagcactgaa 5940
cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc 6000
acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc 6060
agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120
ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 839
<211> 2047
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 839

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
755 760 765
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
770 775 780
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
785 790 795 800
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
820 825 830
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
835 840 845
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
850 855 860
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
885 890 895
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
900 905 910
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
915 920 925
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
945 950 955 960
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
965 970 975
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
980 985 990
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1010 1015 1020
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170
Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230
Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1310 1315 1320
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1325 1330 1335
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1670 1675 1680
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1685 1690 1695
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1730 1735 1740
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1745 1750 1755
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1760 1765 1770
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1775 1780 1785

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1790 1795 1800
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1820 1825 1830

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1835 1840 1845

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1850 1855 1860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1880 1885 1890

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1895 1900 1905

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1910 1915 1920

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1925 1930 1935

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1940 1945 1950

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1955 1960 1965

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1970 1975 1980

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1985 1990 1995

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2000 2005 2010

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln

2015 2020 2025

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2030 2035 2040

His His His His

2045

<210> 840

<211> 6144

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 840

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340
gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400
agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460
gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520
gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580
tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640
ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760
agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820
gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880
tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940
gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000
ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060
gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc 5220

ggtacgtcct caacggggag ccctggggca tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc 5280

ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg 5340

acgggttccc cgggaacccc cggatcagga acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc 5400

ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg 5460

ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg 5520

actggatcac cgggatcgag cccgtcggca tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca 5580

tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg 5640

ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg agcccagggt cgtccacccc aagcggggct 5700

actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc 5760

tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc 5820

ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc 5880

acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc tcaactggca caggccctgg tgcttcccct 5940

ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc agcccttccg cttcgactgg gactggaccc 6000

ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca 6060

accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120

ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 841

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 841

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

```
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1490                 1495                 1500
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1505                 1510                 1515
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1520                 1525                 1530

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1535                 1540                 1545
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1550                 1555                 1560
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1565                 1570                 1575
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Pro Gly
    1580                 1585                 1590

Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro
    1595                 1600                 1605
Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Thr Pro Gly  Ser Gly Thr
    1610                 1615                 1620
Ala Ser  Ser Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1625                 1630                 1635
Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    1640                 1645                 1650

Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Thr Pro Gly
    1655                 1660                 1665
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    1670                 1675                 1680
Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1685                 1690                 1695
Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr Gly Thr  Gly Pro Gly
    1700                 1705                 1710

Ser Ser  Pro Ser Ala Ser Thr  Gly Thr Gly Pro Gly  Ala Ser Pro
```

1715 1720 1725

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1730 1735 1740

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1745 1750 1755

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1760 1765 1770

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1775 1780 1785

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1790 1795 1800

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1820 1825 1830

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1835 1840 1845

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1850 1855 1860

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1865 1870 1875

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 842

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 842

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280
ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400
ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460
gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520
acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580
ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640
ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaccgggag cgtcacccgg tacgtcctca 4800

acggggagcc ctggggcatc acccggcacg tcctcgacag ggtccccccgg aacaccgggt 4860

tcggggactg cgtcgtcgtc acccggttcg tcaacaccca gcggtgcgac gggttccccg 4920

ggaacccccg gatcaggaac agcgtcgtcg agccccggaa gctcgacccc gtcaggagcg 4980

accgggtcgc caggaacgcc tgggtcgggt actgcctcat cgtcgccggg ttcatcgacg 5040

ccctccggag caacaggttc acccgggtcg tccacccccca gcggagcgac tggatcaccg 5100

ggatcgagcc cgtcggcatc gacaggaaca ggtcccggta gctccccatc ggcctccacg 5160

gggacggggc ctggtgcgtc accggggaca agcagcacgg gttcgccggg aacgccaggg 5220

tcagggaccg cgtcgtcgag cccagggtcg tccaccccaa gcggggctac tgggtccccg 5280

ggtagctcgc cgagcgcatc aacgggaacc ggaccgggca gctccccctc agcgtcgaca 5340

gggacaggcc ctggcgcgag cccgggaaca tcgtcgacgg ggtcacccgg agcatcgcca 5400

gggacctcgt caactggctc gcctggatcg tcaacgccct cgggagccac ggggtcgccc 5460

ggatcatccc cgtccgcctc aactggcaca ggccctggtg cttcccctgg aacgtccagc 5520

acaggctccc ccggttccag cccttccgct tcgactggga ctggacccgg aaccccggga 5580

tcggggacag cgtcaagctc gcccggaagc tccacgcctt cgggggcaac cgggtcagcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 843

<211> 2047

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 843

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

```
Thr Gln  Pro Leu Tyr Arg Gly  Glu Leu Asn Glu His  Leu Gly Leu
    1145                1150                1155
Leu Gly  Pro Tyr Ile Arg Ala  Glu Val Glu Asp Asn  Ile Met Val
    1160                1165                1170
Thr Phe  Arg Asn Gln Ala Ser  Arg Pro Tyr Ser Phe  Tyr Ser Ser

    1175                1180                1185
Leu Ile  Ser Tyr Glu Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg
    1190                1195                1200
Lys Asn  Phe Val Lys Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys
    1205                1210                1215
Val Gln  His His Met Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys
    1220                1225                1230
Ala Trp  Ala Tyr Phe Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His

    1235                1240                1245
Ser Gly  Leu Ile Gly Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu
    1250                1255                1260
Asn Pro  Ala His Gly Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu
    1265                1270                1275
Phe Phe  Thr Ile Phe Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu
    1280                1285                1290
Asn Met  Glu Arg Asn Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu

    1295                1300                1305
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1310                1315                1320
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1325                1330                1335
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1340                1345                1350
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys

    1355                1360                1365
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
```

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1670 1675 1680
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1685 1690 1695
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1730 1735 1740
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1745 1750 1755
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1760 1765 1770
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1775 1780 1785
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1790 1795 1800
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1805 1810 1815
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1820 1825 1830
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1835 1840 1845

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1850 1855 1860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1880 1885 1890

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1895 1900 1905

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1910 1915 1920

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1925 1930 1935

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1940 1945 1950

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1955 1960 1965

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1970 1975 1980

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1985 1990 1995

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2000 2005 2010

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln

2015 2020 2025

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2030 2035 2040

His His His His

2045

<210> 844

<211> 6144

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 844

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccctc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840
accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960
atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020
cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080
catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140
ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200
cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260
tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380
gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440
attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500
tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560
ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620
aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680
actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800
gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860
cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920
acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980
ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040
aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100
ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc 5220

ggtacgtcct caacggggag ccctggggca tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc 5280

ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg 5340

acgggttccc cgggaacccc cggatcagga acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc 5400

ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg 5460

ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg 5520

actggatcac cgggatcgag cccgtcggca tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca 5580

tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg 5640

ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg agcccagggt cgtccacccc aagcggggct 5700

actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc 5760

tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc 5820

ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc 5880

acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc tcaactggca caggccctgg tgcttcccct 5940

ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc agcccttccg cttcgactgg gactggaccc 6000

ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca 6060

accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120

ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 845

<211> 2047

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 845

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
740 745 750
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
755 760 765
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
770 775 780

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
785 790 795 800
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110
Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170
Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230
Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1520 1525 1530
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1535 1540 1545
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1550 1555 1560
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1655 1660 1665
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1670 1675 1680
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1715 1720 1725
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1730 1735 1740
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1745 1750 1755

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1760 1765 1770
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1775 1780 1785
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1790 1795 1800
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1820 1825 1830
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1835 1840 1845
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1850 1855 1860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1880 1885 1890
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1895 1900 1905
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1910 1915 1920
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1925 1930 1935

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1940 1945 1950
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1955 1960 1965
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1970 1975 1980

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1985 1990 1995

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
2000 2005 2010
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln
2015 2020 2025
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
2030 2035 2040
His His His His
2045

<210> 846

<211> 6144

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 846

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680
actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740
gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800
gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860
cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920
acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980
ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100
ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160
atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc 5220
ggtacgtcct caacggggag ccctggggca tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc 5280
ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg 5340
acgggttccc cgggaacccc cggatcagga acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc 5400
ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg 5460

ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg 5520
actggatcac cgggatcgag cccgtcggca tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca 5580
tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg 5640
ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg agcccagggt cgtccacccc aagcggggct 5700
actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc 5760
tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc 5820
ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc 5880

acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc tcaactggca caggccctgg tgcttccgct 5940
ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc agcccttccg cttcgactgg gactggaccc 6000
ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca 6060
accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120
ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 847

<211> 2047

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 847

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230
Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1295 1300 1305
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1325 1330 1335
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
1340 1345 1350
His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
1355 1360 1365
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe
1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1385 1390 1395
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
1400 1405 1410
Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
1415 1420 1425
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1445 1450 1455
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1460 1465 1470
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1475 1480 1485
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1505 1510 1515
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1520 1525 1530
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1535 1540 1545
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1565 1570 1575
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1655 1660 1665

```
His Gln  Trp Thr Leu Phe Phe  Gln Asn Gly Lys Val  Lys Val Phe
    1670                 1675                 1680

Gln Gly  Asn Gln Asp Ser Phe  Thr Pro Val Val Asn  Ser Leu Asp
    1685                 1690                 1695
Pro Pro  Leu Leu Thr Arg Tyr  Leu Arg Ile His Pro  Gln Ser Trp
    1700                 1705                 1710
Val His  Gln Ile Ala Leu Arg  Met Glu Val Leu Gly  Cys Glu Ala
    1715                 1720                 1725
Gln Asp  Leu Tyr Gly Ala Pro  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1730                 1735                 1740

Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    1745                 1750                 1755
Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    1760                 1765                 1770
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Thr Pro Gly
    1775                 1780                 1785
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    1790                 1795                 1800

Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Thr  Pro Gly Ser Gly Thr  Ala Ser Ser
    1805                 1810                 1815
Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly
    1820                 1825                 1830
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Pro
    1835                 1840                 1845
Ser Ala  Ser Thr Gly Thr Gly  Pro Gly Ser Ser Pro  Ser Ala Ser
    1850                 1855                 1860

Thr Gly  Thr Gly Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    1865                 1870                 1875
Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    1880                 1885                 1890
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Pro
```

1895 1900 1905

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1910 1915 1920

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1925 1930 1935

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1940 1945 1950

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1955 1960 1965

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1970 1975 1980

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1985 1990 1995

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2000 2005 2010

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln

2015 2020 2025

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2030 2035 2040

His His His His

2045

<210> 848

<211> 6144

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 848

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc 5220

ggtacgtcct caacggggag ccctggggca tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc 5280

ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg 5340

acgggttccc cgggaacccc cggatcagga acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc 5400

ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg 5460

ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg 5520

actggatcac cgggatcgag cccgtcggca tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca 5580

tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg 5640

ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg agcccagggt cgtccacccc aagcggggct 5700

actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc 5760

tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc 5820
ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc 5880
acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc tcaactggca caggccctgg tgcttccgct 5940
ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc agcccttccg cttcgactgg gactggaccc 6000
ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca 6060
accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120
ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 849
<211> 1903
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 849

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1580 1585 1590
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1595 1600 1605

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1610 1615 1620
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1625 1630 1635
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1640 1645 1650
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1655 1660 1665

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1670 1675 1680
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1685 1690 1695
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1700 1705 1710
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1715 1720 1725

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1730 1735 1740
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1745 1750 1755
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1760 1765 1770
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1775 1780 1785

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1790 1795 1800
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1835 1840 1845

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1850 1855 1860

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1865 1870 1875

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 850

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 850

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 4800

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 4860

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 4920

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 4980

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5040

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 5100

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 5160

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 5220

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 5280

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 5340

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 5400

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 5460

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 5520

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 5580

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 851

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 851

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

```
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg  Gly Met Thr Ala Leu  Leu Lys Val
        995                 1000                1005
Ser Ser  Cys Asp Lys Asn Thr  Gly Asp Tyr Tyr Glu  Asp Ser Tyr

    1010                1015                1020
Glu Asp  Ile Ser Ala Tyr Leu  Leu Ser Lys Asn Asn  Ala Ile Glu
    1025                1030                1035
Pro Arg  Ser Phe Ser Gln Asn  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050
Arg Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe

    1070                1075                1080
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1085                1090                1095
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp
    1100                1105                1110
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                1120                1125
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu

    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg

    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
```

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 852

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 852

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680
ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800
tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860
ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920
tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980
tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040
gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 853

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 853

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu

20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

145 150 155 160

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 854

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 854

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680
ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740
acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800
tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920
tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980
tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040
gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 855

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 855

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 856

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 856

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040
gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 857

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 857

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
165 170 175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

```
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                 1210                 1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                 1225                 1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                 1240                 1245

Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                 1255                 1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                 1270                 1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                 1285                 1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                 1300                 1305

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                 1315                 1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                 1330                 1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                 1345                 1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                 1360                 1365

Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                 1375                 1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                 1390                 1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                 1405                 1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                 1420                 1425

Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
```

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 858

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 858

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
ggcgcgccaa catcagagag cgccaccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180
tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240
gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300
ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360
cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420

gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480
gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540
cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 859

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 859

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160
Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp
690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 860

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 860

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 861

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 861

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

```
        115                 120                 125
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    130                 135                 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145                 150                 155                 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365
```

```
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
    370                 375                 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385                 390                 395                 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
                405                 410                 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
```

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro
740 745 750

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
755 760 765

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
770 775 780

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
785 790 795 800

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
805 810 815

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
820 825 830

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
835 840 845

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
850 855 860

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
865 870 875 880
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
885 890 895
Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 862

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 862

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 2280

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 2340

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 2400

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 2460

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 2520

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 2580

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2640

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 863

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 863

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro

740 745 750
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
755 760 765
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
770 775 780
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
785 790 795 800
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

805 810 815
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
820 825 830
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
835 840 845
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
850 855 860
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

865 870 875 880
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
885 890 895
Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

    1175   1180   1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

    1190   1195   1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

    1205   1210   1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

    1220   1225   1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

    1235   1240   1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

    1250   1255   1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

    1265   1270   1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

    1280   1285   1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

    1295   1300   1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

    1310   1315   1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

    1325   1330   1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

    1340   1345   1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

    1355   1360   1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

    1370   1375   1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

    1385   1390   1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 864

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 864

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480
ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540
acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 2280

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 2340

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 2400

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 2460

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 2520

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 2580

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2640

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 865

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 865

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser

20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro
740 745 750

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
755 760 765

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
770 775 780
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
785 790 795 800
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
805 810 815
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
820 825 830

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
835 840 845
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
850 855 860
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
865 870 875 880
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
885 890 895

Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

```
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 866

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 866

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180
tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240
acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300
ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360
accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420
acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480
cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 2280

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 2340

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 2400

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 2460

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 2520

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 2580

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2640

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 867

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 867

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro
740 745 750

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
755 760 765

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
770 775 780

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
785 790 795 800

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
805 810 815

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

820 825 830

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

835 840 845

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

850 855 860

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

865 870 875 880

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

885 890 895

Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

```
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1085                1090                1095

Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp
    1100                1105                1110
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                1120                1125
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155

Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215

Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
```

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 868

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 868

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 2280
agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 2340

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 2400
acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 2460
agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 2520
acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 2580
accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2640
tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 869

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 869

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro

545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

565 570 575

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

580 585 590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

595 600 605

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

610 615 620

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
660 665 670
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

675 680 685
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

```
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro

    1175                1180                1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp

    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro

    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val

    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
```

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 870

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 870

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 871

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 871

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
565 570 575

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
580 585 590
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
595 600 605
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
610 615 620
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
645 650 655
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
660 665 670
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
675 680 685
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp
690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 872

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 872

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 873

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 873

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
565 570 575
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
580 585 590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
595 600 605
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
610 615 620
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
625 630 635 640
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
660 665 670
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
675 680 685
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 874

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 874

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 875
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 875

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

```
        115                 120                 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
    130                 135                 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145                 150                 155                 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

        355                 360                 365
```

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro

740 745 750

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

755 760 765

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

770 775 780

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

785 790 795 800

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

805 810 815

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

820 825 830

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

835 840 845

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

850 855 860

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

865 870 875 880

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

885 890 895

Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 876

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 876

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca 2280
actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc 2340
agcgccagca ctggaacagg tcctggcact cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg 2400
ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact 2460
ggaacggggc caggggcctc acccggaacg tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga 2520

tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg 2580
ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc 2640
acggggtccc ctggagcgtc accggggacc tcctcgacag gtagcccggc ctcgagcgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 877

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 877

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro

740 745 750

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

755 760 765

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

770 775 780

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

785 790 795 800

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

805 810 815

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

820 825 830

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

835 840 845

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

850 855 860

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

865 870 875 880

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

885 890 895

Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 878

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 878

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca 2280
actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc 2340
agcgccagca ctggaacagg tcctggcact cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg 2400
ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact 2460
ggaacggggc caggggcctc acccggaacg tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga 2520
tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg 2580
ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc 2640

acggggtccc ctggagcgtc accggggacc tcctcgacag gtagcccggc ctcgagcgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 879

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 879

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro

740 745 750

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
755 760 765
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
770 775 780

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
785 790 795 800
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
805 810 815
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
820 825 830
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
835 840 845

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
850 855 860
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
865 870 875 880
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
885 890 895
Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

```
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455

Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 880

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 880

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca 2280

actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc 2340

agcgccagca ctggaacagg tcctggcact cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg 2400

ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact 2460

ggaacggggc caggggcctc acccggaacg tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga 2520

tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg 2580

ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc 2640

acggggtccc ctggagcgtc accggggacc tcctcgacag gtagcccggc ctcgagcgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 881

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 881

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

100 105 110
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160
Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro

740 745 750
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
755 760 765
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
770 775 780
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
785 790 795 800
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

805 810 815
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

820 825 830

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

835 840 845

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

850 855 860

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

865 870 875 880

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

885 890 895

Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 882

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 882

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca 2280

actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc 2340

agcgccagca ctggaacagg tcctggcact cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg 2400

ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact 2460

ggaacggggc caggggcctc acccggaacg tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga 2520

tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg 2580

ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc 2640

acggggtccc ctggagcgtc accggggacc tcctcgacag gtagcccggc ctcgagcgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctccttttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 883
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 883

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
165 170 175
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro
740 745 750

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
755 760 765

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
770 775 780

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
785 790 795 800

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
805 810 815

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
820 825 830

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
835 840 845

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
850 855 860

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
865 870 875 880

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

885 890 895

Ala Ser Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765
<210> 884
<211> 5310
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 884
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccacccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180
tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240
gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300
ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360
cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420
gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480
gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctggc gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca 2280

actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc 2340

agcgccagca ctggaacagg tcctggcact cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg 2400

ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact 2460

ggaacggggc caggggcctc acccggaacg tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga 2520

tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg 2580

ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc 2640

acggggtccc ctggagcgtc accggggacc tcctcgacag gtagcccggc ctcgagcgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 885

<211> 1759

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 885

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly
1580 1585 1590
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1595 1600 1605
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1610 1615 1620
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1625 1630 1635

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1640 1645 1650
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1655 1660 1665

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1670 1675 1680

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1685 1690 1695

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1700 1705 1710

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1715 1720 1725

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

1730 1735 1740

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

1745 1750 1755

His

<210> 886

<211> 5280

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 886

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccacccgggt cgtccccgtc ggcgtccacc 4800

ggaacagggc cagggtcatc cccgtcagcg tcgactggga cgggacccgg gacacccggt 4860

tcggggactg catcctcctc gcctggttcg tccaccccgt caggagccac gggttcgccg 4920

ggaagcagcc caagcgcatc cactggtaca gggcctgggg cttcaccggg tacttcatcc 4980

acggggtcac cgggaacgcc cggatcgggg acggcttcct catcaccagg atcgtcaaca 5040

ccctcgggcg caacgggcag ccccggaacc cctggttcgg gtacggcgtc gtcgagcccc 5100

ggtgcgagcc cgggaacaag ctcgacagga tcgcctgggg cgtcacccgg cacgtcgagc 5160

acaggcagcc ccggaacccc tggatcggga accgcgtcgt caagcgcctc gagcgaacaa 5220

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5280

<210> 887

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 887

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
965 970 975
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1295 1300 1305
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1325 1330 1335
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
1340 1345 1350
His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
1355 1360 1365
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380
Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1385 1390 1395
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
1400 1405 1410
Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
1415 1420 1425
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1445 1450 1455
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1460 1465 1470
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1475 1480 1485
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1745 1750 1755

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1760 1765 1770

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1775 1780 1785

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1790 1795 1800

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1835 1840 1845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1850 1855 1860

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1865 1870 1875

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 888

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 888

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctccccct cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840
accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900
gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960
atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020
cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080
catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140
ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260
tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320
ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380
gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440
attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500
tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560
ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680
actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740
gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800
gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860
cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920
acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980
ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100
ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160
atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg 5220
tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc 5280
gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc 5340
acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg 5400
ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca 5460

ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc agccccggaa cccctggttc gggtacggcg 5520

tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc 5580

ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 889

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 889

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

```
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200

Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1250                1255                1260

Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1265                1270                1275
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1280                1285                1290
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1295                1300                1305
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1310                1315                1320

Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1325                1330                1335
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1340                1345                1350
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                1360                1365
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
```

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1580 1585 1590
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1595 1600 1605

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1610 1615 1620

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1625 1630 1635
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1640 1645 1650
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1655 1660 1665
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1670 1675 1680

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1685 1690 1695
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1700 1705 1710
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1715 1720 1725
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1730 1735 1740

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1745 1750 1755
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1760 1765 1770
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1775 1780 1785
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1805 1810 1815
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1820 1825 1830
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1835 1840 1845

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1850 1855 1860

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1865 1870 1875

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 890

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 890

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 4800
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 4860
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 4920
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 4980
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5040
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 5100

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 5160
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 5220
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 5280
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 5340
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 5400
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 5460
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 5520

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 5580
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 5640
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700
catcaccatt ga 5712

<210> 891

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 891

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly

1580 1585 1590

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1595 1600 1605

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1610 1615 1620

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1625 1630 1635

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1640 1645 1650

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1655 1660 1665

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1670 1675 1680

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1685 1690 1695

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1700 1705 1710

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1715 1720 1725

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1730 1735 1740

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1745 1750 1755

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1760 1765 1770

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1775 1780 1785

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1790 1795 1800

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1820 1825 1830

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1835 1840 1845

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1850 1855 1860

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1865 1870 1875

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 892

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 892

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaccgggag cgtcacccgg tacgtcctca 4800

acggggagcc ctggggcatc acccggcacg tcctcgacag ggtcccccgg aacaccgggt 4860

tcggggactg cgtcgtcgtc acccggttcg tcaacaccca gcggtgcgac gggttccccg 4920

ggaacccccg gatcaggaac agcgtcgtcg agccccggaa gctcgacccc gtcaggagcg 4980

accgggtcgc caggaacgcc tgggtcgggt actgcctcat cgtcgccggg ttcatcgacg 5040

ccctccggag caacaggttc acccgggtcg tccaccccca gcggagcgac tggatcaccg 5100

ggatcgagcc cgtcggcatc gacaggaaca ggtcccggta gctccccatc ggcctccacg 5160

gggacggggc ctggtgcgtc accggggaca agcagcacgg gttcgccggg aacgccaggg 5220

tcagggaccg cgtcgtcgag cccagggtcg tccaccccaa gcggggctac tgggtccccg 5280

ggtagctcgc cgagcgcatc aacgggaacc ggaccgggca gctccccctc agcgtcgaca 5340

gggacaggcc ctggcgcgag cccgggaaca tcgtcgacgg ggtcacccgg agcatcgcca 5400

gggacctcgt caactggctc gcctggatcg tcaacgccct cgggagccac ggggtcgccc 5460

ggatcatccc cgtccgcctc aactggcaca ggccctggtg cttcccctgg aacgtccagc 5520

acaggctccc ccggttccag cccttccgct tcgactggga ctggacccgg aaccccggga 5580

tcggggacag cgtcaagctc gcccggaagc tccacgcctt cgggggcaac cgggtcagcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 893

<211> 2047

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 893

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu

740 745 750

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

755 760 765

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

770 775 780

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

785 790 795 800

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

805 810 815

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

865 870 875 880

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

885 890 895

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

900 905 910

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

930 935 940

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

945 950 955 960

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

995 1000 1005

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1010 1015 1020

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1730 1735 1740

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1745 1750 1755

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1760 1765 1770

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1790 1795 1800

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1820 1825 1830

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1835 1840 1845

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1895 1900 1905

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

1940 1945 1950

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1970 1975 1980

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln

2015 2020 2025

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2030 2035 2040

His His His His

2045

<210> 894

<211

> 6144

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 894

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 2280

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccacccct 2340

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 2400

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 2460

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 2520

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 2580

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 2640

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 2700

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 2760

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 2820

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 2880

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 2940

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 3000

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 3060

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct 5220

gctacccccg agtcagggcc aggatcagag ccagccacct ccgggtctga gacacccggg 5280

acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc 5340

gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc ccagagtcag gaccaggaac atctacagag 5400

ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga 5460

acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc 5520

gagacaccag gcacctctga gtccgccaca ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg 5580

agccccacct ccactgagga gggatctcct gctggctctc caacatctac tgaggaaggt 5640

acctcaaccg agccatccga gggatcagct cccggcacct cagagtcggc aaccccggag 5700

tctggacccg gaacttccga aagtgccaca ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca 5760

gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga 5820

tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca cccggatctc cggcaggctc accaacctcc 5880

actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc gagggctccg cacccggaac aagcactgaa 5940

cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc 6000

acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc 6060

agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc 6120

ggtcatcatc accatcacca ttga 6144

<210> 895

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 895

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
565 570 575
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
580 585 590
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
595 600 605
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
610 615 620

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
625 630 635 640
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
645 650 655
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
660 665 670
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

```
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                1540                1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                1555                1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                1570                1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                1585                1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                1600                1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                1615                1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                1630                1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                1645                1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                1660                1665

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                1675                1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                1690                1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1700                1705                1710
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1715                1720                1725

Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Gly Ser Pro
```

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 896

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 896

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740
ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800
tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860
tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920
ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980
actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040
gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 897

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 897

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro

820 825 830

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

835 840 845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
885 890 895

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
900 905 910
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
915 920 925
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
930 935 940
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
945 950 955 960

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
965 970 975
Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
980 985 990
Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
995 1000 1005
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1010 1015 1020

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1025 1030 1035
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1040 1045 1050
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1055 1060 1065
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1070 1075 1080

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1085 1090 1095
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1100 1105 1110

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1115 1120 1125

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1130 1135 1140

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1145 1150 1155

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1160 1165 1170

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1175 1180 1185

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1190 1195 1200

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1205 1210 1215

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1220 1225 1230

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1265 1270 1275

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1280 1285 1290

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1295 1300 1305

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

```
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1340                1345                1350
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1355                1360                1365
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1370                1375                1380

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1385                1390                1395
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1400                1405                1410
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1415                1420                1425
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1430                1435                1440

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1445                1450                1455
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1460                1465                1470
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1475                1480                1485
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1490                1495                1500

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1505                1510                1515
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1520                1525                1530
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1535                1540                1545
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1550                1555                1560

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
```

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 898

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 898

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 2520

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 2580

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 2640

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 2700

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 2760

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 2820

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 2880

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 2940

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3000

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3060

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3120

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3180

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3240

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3300

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3360

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3420

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 3480

gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 3540

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 3600

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 3660

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 3720

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 3780

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctcccccac atcaacagag 3840

gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 3900

gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 899

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 899

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Gly
820 825 830

Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
835 840 845

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
850 855 860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
865 870 875 880

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
885 890 895

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
900 905 910

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
915 920 925

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
930 935 940

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
945 950 955 960
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
965 970 975

Pro Gly Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 900

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 900

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc 2520
cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca 2580
gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca 2640
ccaggaacat cggagagcgc taccccggag agcgggccag gaactagtac tgagcctagc 2700
gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc gccacacccg agtctggccc tggctctcca 2760

gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa 2820
gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca acagaggagg gtacatcaga atctgctact 2880
cccgagagtg gacccggtac ctccactgag cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg 2940
agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480
tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540
actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660
agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720
ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780
ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840
tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900
gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 901

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 901

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

```
            20                  25                  30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
```

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro

820 825 830

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

835 840 845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

885 890 895

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

900 905 910

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

915 920 925

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

930 935 940

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

945 950 955 960

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

965 970 975

Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

980 985 990

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

995 1000 1005

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1010 1015 1020

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1025 1030 1035

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1040 1045 1050

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1055 1060 1065

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1070 1075 1080

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1085 1090 1095

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1100 1105 1110

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1115 1120 1125

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1130 1135 1140

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1145 1150 1155

Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1160 1165 1170

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1175 1180 1185

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1190 1195 1200

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1205 1210 1215

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1220 1225 1230

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1235 1240 1245

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1250 1255 1260

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1265 1270 1275

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1295 1300 1305

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 902

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 902

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 2520

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 2580

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 2640

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 2700

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 2760

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 2820

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 2880

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 2940
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3000
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3060
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3120
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3180
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3240
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3300

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3360
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3420
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 3480
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3540
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3600
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3660
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3720

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3780
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3840
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3900
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380
agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 903

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 903

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

820 825 830
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

835 840 845

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

850 855 860

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

885 890 895

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

900 905 910

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

915 920 925

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

930 935 940

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

945 950 955 960

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 904

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 904

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gggcgcgcca 2460

acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc 2520

gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc 2580

acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg gagagcgcta ccccggagag cgggccagga 2640

actagtactg agcctagcga gggaagtgca cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag 2700

tctggccctg gctctccagc gggctcaccc acgagcactg aagagggctc tcccgctggc 2760

agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt 2820

acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg 2880

agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540
ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600
ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660
ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720
gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780
ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900
ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 905

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 905

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro

820 825 830

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

835 840 845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

885 890 895

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

900 905 910

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

915 920 925

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

930 935 940

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

945 950 955 960

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

965 970 975

Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

980 985 990

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

995 1000 1005

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1010 1015 1020

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1025 1030 1035

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1040 1045 1050

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1055 1060 1065

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1070 1075 1080

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1085 1090 1095

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1100 1105 1110

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1115 1120 1125

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1130 1135 1140

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1145 1150 1155

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1160 1165 1170

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1190 1195 1200

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1205 1210 1215

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1220 1225 1230

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1235 1240 1245

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1250 1255 1260

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1265 1270 1275

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1280 1285 1290

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1295 1300 1305

Gly Ser Pro Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 906

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 906

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 2520

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 2580

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 2640

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 2700

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 2760

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 2820

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 2880

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 2940

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3000

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3060

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3120

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3180

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3240

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3300

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3360

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3420

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 3480

ccctgcaata tcggcgcgcc aggtacaccc ggatcgggta cagcgtcatc gagccccggt 3540

gcgtcacctg gtacgtcgag cacggggtcg ccaggggcgt cccctgggac gtcctcaaca 3600

ggctcgcccg gtgcgtcacc cggcacgtcg tccacgggtt cacctggtag ctccccttcc 3660

gcgtccactg gcaccgggcc tggaactccg gggagcggca cagcgagctc gtcgccggga 3720

gcatcgcctg ggacatcgag caccgggtcg ccaggagcat cgcccggaac atccagcaca 3780

ggaagccccg gcgcgtcgcc cgggacatca agcacaggtt ccccgggatc gagcacgccg 3840

tccggagcca ctggatcacc agggagctcg acaccttccg gcgcaacggg atcgcccgga 3900

gccagcccgg gtacgtcaag cactggctcc cctgcctcga gccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740
aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860
ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920
gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980
cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040
actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100
cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280
ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319
<210> 907
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 907

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

```
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
```

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Gly

820 825 830

Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

835 840 845

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

850 855 860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

865 870 875 880

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

885 890 895

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

900 905 910

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

915 920 925

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

930 935 940

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

945 950 955 960

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

965 970 975

Pro Gly Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1235 1240 1245
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1265 1270 1275
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1295 1300 1305
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

```
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470

Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530

Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                1555                1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                1570                1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                1585                1590

Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                1600                1605
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                1615                1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                1630                1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                1645                1650

Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                1660                1665
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                1675                1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
```

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 908

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 908

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc 2520

cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca 2580

gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca 2640

ccaggaacat cggagagcgc taccccggag agcgggccag gaactagtac tgagcctagc 2700

gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc gccacacccg agtctggccc tggctctcca 2760

gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa 2820

gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca acagaggagg gtacatcaga atctgctact 2880

cccgagagtg gacccggtac ctccactgag cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg 2940

agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 909
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 909

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 910

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 910

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 911
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 911

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160
Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

```
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140

Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
```

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765
<210> 912
<211> 5310
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 912
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180
gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240
ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300
tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360
gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420
gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480
agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 913

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 913

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
            20                  25                  30
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
        35                  40                  45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
    50                  55                  60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65                  70                  75                  80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
                85                  90                  95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
            100                 105                 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
        115                 120                 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
    130                 135                 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145                 150                 155                 160
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
```

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

```
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
```

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 914

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 914

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 915

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 915

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala

35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

65 70 75 80

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

85 90 95

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

100 105 110

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

145 150 155 160

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

165 170 175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 916

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 916

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccacccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180

tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240

gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300

ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360

cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420

gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480

gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000
gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060
ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120
tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180
tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 917

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 917

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

```
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        915                 920                 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
    930                 935                 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945                 950                 955                 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
                965                 970                 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
            980                 985                 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr
        995                 1000                1005
Gly Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro
    1010                1015                1020

Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser
    1025                1030                1035
Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly Ala Ser  Pro Gly Thr
    1040                1045                1050
Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Ala  Ser Ser Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080

Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
```

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765
<210> 918
<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 918

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 919

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 919

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 920

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 920

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 921

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 921

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly
385 390 395 400
Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
450 455 460
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

485 490 495
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 922

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 922

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 923

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 923

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 924

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 924

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 925

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 925

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
```

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 926
<211> 5310
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 926
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260
gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320
ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380
ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440
gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560
gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 927

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 927

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

770 775 780

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

865 870 875 880

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

885 890 895

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

980 985 990

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1040 1045 1050

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1100 1105 1110

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 928

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 928

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580
cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640
gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700
ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000
acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060
tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120
agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180
gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240
tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300
acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 929

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 929

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
770 775 780
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

865 870 875 880

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

885 890 895

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1745 1750 1755
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765 1770

<210> 930

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 930

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380
agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 931

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 931

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 932

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 932

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660
agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720
ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780
ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840
tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900
gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 933

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 933

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 934

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 934

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480
agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 935

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 935

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu

20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

145 150 155 160

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

```
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1235                 1240                 1245
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1250                 1255                 1260

Thr Glu  Glu Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1265                 1270                 1275
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser
    1280                 1285                 1290
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Ala Pro
    1295                 1300                 1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                 1315                 1320

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                 1330                 1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                 1345                 1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                 1360                 1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                 1375                 1380

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                 1390                 1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                 1405                 1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                 1420                 1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                 1435                 1440

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                 1450                 1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 936

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 936

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180
gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240
agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300
ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360
gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420
tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480
gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 937

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 937

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1175 1180 1185
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1190 1195 1200
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1220 1225 1230
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1235 1240 1245
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1250 1255 1260
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1280 1285 1290
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 938

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 938

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 939

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 939

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 940

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 940

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 941

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 941

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
        35                  40                  45
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
    50                  55                  60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65                  70                  75                  80
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                85                  90                  95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            100                 105                 110
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        115                 120                 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
    130                 135                 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145                 150                 155                 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                165                 170                 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
            180                 185                 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
```

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1175 1180 1185
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 942

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 942

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 943

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 943

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1175 1180 1185
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1190 1195 1200
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1220 1225 1230
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1235 1240 1245
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1250 1255 1260
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1280 1285 1290
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 944

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 944

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 945
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 945

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

```
        115                 120                 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
    130                 135                 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145                 150                 155                 160
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

        355                 360                 365
```

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 946

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 946

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 947

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 947

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 948

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 948

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540
ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600
ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660
ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720
gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780
ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840
actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 949

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 949

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

```
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705                 710                 715                 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
                725                 730                 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
            740                 745                 750
```

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1235 1240 1245
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1280 1285 1290
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1295 1300 1305
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 950

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 950

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540
ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660
ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720
gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780
ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840
actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900
ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 951

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 951

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

100 105 110
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser

165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 952

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 952

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 953
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 953

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
165 170 175
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1160 1165 1170
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1175 1180 1185
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1205 1210 1215
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1220 1225 1230
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1235 1240 1245
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1265 1270 1275
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1280 1285 1290
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1295 1300 1305
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765
<210> 954
<211> 5310
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 954
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccaccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180
tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240
gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300
ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360
cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420
gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480
gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 955

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 955

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

```
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
```

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
1160 1165 1170
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1175 1180 1185
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1190 1195 1200

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1205 1210 1215

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1220 1225 1230

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1235 1240 1245

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1250 1255 1260

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1265 1270 1275

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1280 1285 1290

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1295 1300 1305

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 956

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 956

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3540

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 3600

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 3660

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 3720

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 3780

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 3840

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 3900

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 957

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 957

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

545 550 555 560

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

565 570 575

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

580 585 590

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

595 600 605

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

625 630 635 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

645 650 655

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

675 680 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

```
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro

    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val

    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln

    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His

    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
```

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 958

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 958

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1680

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1740

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1800

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1860

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1920

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1980

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2040

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc 2100

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 959

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 959

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

```
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
    370                 375                 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385                 390                 395                 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
                405                 410                 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
545                 550                 555                 560
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
                565                 570                 575

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
            580                 585                 590
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
```

595 600 605

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

625 630 635 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

645 650 655

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

675 680 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

```
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
    850                 855                 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865                 870                 875                 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
                885                 890                 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
            900                 905                 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
        915                 920                 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
    930                 935                 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945                 950                 955                 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
                965                 970                 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
            980                 985                 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg  Gly Met Thr Ala Leu  Leu Lys Val
        995                 1000                1005
Ser Ser  Cys Asp Lys Asn Thr  Gly Asp Tyr Tyr Glu  Asp Ser Tyr
    1010                1015                1020

Glu Asp  Ile Ser Ala Tyr Leu  Leu Ser Lys Asn Asn  Ala Ile Glu
    1025                1030                1035
Pro Arg  Ser Phe Ser Gln Asn  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050
Arg Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080

Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
```

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765
<210> 960
<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 960

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1680

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1740

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1800

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1860

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1920

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1980

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2040

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc 2100

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 961

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 961

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

545 550 555 560

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

565 570 575

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

580 585 590

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

595 600 605

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

625 630 635 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

645 650 655

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
675 680 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp
690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                 1165                 1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                 1180                 1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                 1195                 1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                 1210                 1215

Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                 1225                 1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                 1240                 1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                 1255                 1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                 1270                 1275

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                 1285                 1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                 1300                 1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                 1315                 1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                 1330                 1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                 1345                 1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                 1360                 1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                 1375                 1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 962

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 962

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1680

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1740

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1800

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1860

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1920

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1980

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 2040

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc 2100

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 963

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 963

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 964

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 964

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact actttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 965
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 965

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
565 570 575

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

580 585 590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

595 600 605

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

610 615 620

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

660 665 670

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 966

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 966

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 967

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 967

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro

545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

565 570 575

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

580 585 590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

595 600 605

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

610 615 620

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
660 665 670

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp
690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 968
<211> 5310
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 968
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120
tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300
tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360
gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420
gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480
agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680
ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740
ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800
tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860
tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 969

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 969

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

770 775 780

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

865 870 875 880

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

885 890 895

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

```
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu

        995                 1000                1005
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr

    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr

    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1145                1150                1155
Pro Gly  Thr Pro Gly Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ala
    1160                1165                1170
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly

    1175                1180                1185
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser
    1190                1195                1200
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Pro Ser Ala Ser Thr  Gly Thr Gly
```

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

```
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His

    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro

    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                1555                1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                1570                1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                1585                1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr

    1595                1600                1605
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                1615                1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                1630                1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                1645                1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile

    1655                1660                1665
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
```

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 970

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 970

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580
cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640
gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700
ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540
gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600
acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660
actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720
gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840
agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900
ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 971

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 971

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
770 775 780
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

865 870 875 880

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

885 890 895

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155
Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1175 1180 1185
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1205 1210 1215
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1220 1225 1230
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1235 1240 1245
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 972

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 972

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540
actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600
tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660
agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720
ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780
ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840
tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 973

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 973

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
770 775 780

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
865 870 875 880
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
885 890 895
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 974

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 974

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660
ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720
gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780
ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840
actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900
ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 975

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 975

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr

965 970 975

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

995 1000 1005

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1010 1015 1020

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1040 1045 1050

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

1055 1060 1065

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1070 1075 1080

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1085 1090 1095

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1100 1105 1110

Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

    1175   1180   1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

    1190   1195   1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

    1205   1210   1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

    1220   1225   1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

    1235   1240   1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

    1250   1255   1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

    1265   1270   1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

    1280   1285   1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

    1295   1300   1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

    1310   1315   1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

    1325   1330   1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

    1340   1345   1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

    1355   1360   1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

    1370   1375   1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

    1385   1390   1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 976

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 976

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480
ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540
acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gggcgcgcca acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc 2940

cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact 3000

cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg 3060

gagagcgcta ccccggagag cgggccagga actagtactg agcctagcga gggaagtgca 3120

cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag tctggccctg gctctccagc gggctcaccc 3180

acgagcactg aagagggctc tcccgctggc agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca 3240

gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga 3300

cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 977

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 977

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu

20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

145 150 155 160

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr
965 970 975

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

995 1000 1005

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1010 1015 1020

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1040 1045 1050

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

1055 1060 1065

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1070 1075 1080

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1085 1090 1095

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1100 1105 1110

Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

```
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 978

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 978

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gggcgcgcca acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc 2940

cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact 3000

cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg 3060

gagagcgcta ccccggagag cgggccagga actagtactg agcctagcga gggaagtgca 3120

cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag tctggccctg gctctccagc gggctcaccc 3180

acgagcactg aagagggctc tcccgctggc agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca 3240

gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga 3300

cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 979

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 979

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1535 1540 1545
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1550 1555 1560
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1655 1660 1665
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1730 1735 1740
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 980

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 980

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 981

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 981

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1370 1375 1380
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1385 1390 1395
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1415 1420 1425
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1430 1435 1440
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1445 1450 1455
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1475 1480 1485
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1490 1495 1500
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1505 1510 1515
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1535 1540 1545
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1550 1555 1560
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1565 1570 1575
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 982

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 982

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 983

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 983

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

```
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1205                 1210                 1215
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1220                 1225                 1230
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1235                 1240                 1245

Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1250                 1255                 1260
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1265                 1270                 1275
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1280                 1285                 1290
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1295                 1300                 1305

Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1310                 1315                 1320
Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1325                 1330                 1335
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1340                 1345                 1350
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1355                 1360                 1365

Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1370                 1375                 1380
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1385                 1390                 1395
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1400                 1405                 1410
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1415                 1420                 1425

Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
```

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1730 1735 1740
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1745 1750 1755
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765 1770

<210> 984
<211> 5319
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 984
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120
tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180
gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240
ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300
tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360
gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480
agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900
actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 985

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 985

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1505 1510 1515
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1520 1525 1530
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1535 1540 1545
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1565 1570 1575
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1655 1660 1665
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1745 1750 1755
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765 1770

<210> 986

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 986

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380
agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 987

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 987

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

```
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1340                1345                1350
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1355                1360                1365
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1385                1390                1395

Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1400                1405                1410
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1415                1420                1425
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1430                1435                1440
Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1445                1450                1455

Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1460                1465                1470
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1475                1480                1485
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1490                1495                1500
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1505                1510                1515

Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1520                1525                1530
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1535                1540                1545
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1550                1555                1560
His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
```

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1655 1660 1665
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1730 1735 1740
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765 1770
<210> 988
<211> 5319
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 988

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900
actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740
aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860
ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920
gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980
cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040
actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100
cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 989

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 989

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
980 985 990

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 990

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 990

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 991
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 991
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
            980                 985                 990
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
        995                 1000                1005
```

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1010 1015 1020
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1025 1030 1035
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

```
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                 1555                 1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                 1570                 1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                 1585                 1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                 1600                 1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                 1660                 1665

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
```

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 992

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 992

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 993

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 993

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
980 985 990
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
995 1000 1005
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1025 1030 1035
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125
Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 994

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 994

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 995

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 995

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
980 985 990
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
995 1000 1005
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1010 1015 1020
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125
Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 996
<211> 5310
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 996
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120
tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 997

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 997

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
165 170 175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

980 985 990

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1040 1045 1050

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1100 1105 1110

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 998

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 998

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccaccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180

tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240

gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300

ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360

cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420

gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480

gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000
acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060
tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120
agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180
gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240
tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300
acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 999

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 999

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

980 985 990

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125
Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1000

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1000

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120
agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180
gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240
tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300
acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360
cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1001

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1001

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

```
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1340                1345                1350
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1355                1360                1365
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1385                1390                1395

Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1400                1405                1410
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1415                1420                1425
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1430                1435                1440
Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1445                1450                1455

Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1460                1465                1470
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1475                1480                1485
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1490                1495                1500
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1505                1510                1515

Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1520                1525                1530
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1535                1540                1545
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1550                1555                1560
His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
```

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1655 1660 1665
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1730 1735 1740
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765 1770
<210> 1002
<211> 5319
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1002

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900
actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740
aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860
ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920
gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980
cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040
actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100
cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 1003

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1003

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly

385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
450 455 460
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
485 490 495
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
515 520 525
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

```
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
        995                 1000                1005
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1010                1015                1020
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr
    1025                1030                1035
Gly Thr  Gly Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1040                1045                1050

Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1055                1060                1065
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1070                1075                1080
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1085                1090                1095
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1100                1105                1110

Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1115                1120                1125
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1130                1135                1140
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1145                1150                1155
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
```

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1310 1315 1320
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1325 1330 1335
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1355 1360 1365
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1370 1375 1380
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1415 1420 1425
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1430 1435 1440
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1445 1450 1455
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1475 1480 1485
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1490 1495 1500
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1505 1510 1515
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1535 1540 1545
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1550 1555 1560
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1565 1570 1575
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 1004

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1004

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380
agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740
aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800
gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860
ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980
cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040
actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100
cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220
tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280
ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 1005
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1005
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr
                965                 970                 975
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
            980                 985                 990
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
        995                 1000                1005
```

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1010 1015 1020
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1040 1045 1050
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1055 1060 1065

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1070 1075 1080
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1085 1090 1095
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1100 1105 1110
Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

```
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                 1555                 1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                 1570                 1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                 1585                 1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                 1600                 1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                 1660                 1665

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
```

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1006

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1006

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gggcgcgcca acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc 2940

cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact 3000

cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg 3060

gagagcgcta ccccggagag cgggccagga actagtactg agcctagcga gggaagtgca 3120

cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag tctggccctg gctctccagc gggctcaccc 3180

acgagcactg aagagggctc tcccgctggc agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca 3240

gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga 3300

cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1007

<211> 1772

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1007

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305

```
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1310                1315                1320

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1325                1330                1335
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1340                1345                1350
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1355                1360                1365
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1370                1375                1380

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1385                1390                1395
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1400                1405                1410
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1415                1420                1425
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1430                1435                1440

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1445                1450                1455
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1460                1465                1470
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1475                1480                1485
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1490                1495                1500

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1505                1510                1515
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1520                1525                1530
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
```

1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1745 1750 1755

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765 1770

<210> 1008

<211> 5319

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1008

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 5280

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 5319

<210> 1009

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1009

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
```

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
980 985 990
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
995 1000 1005
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1010 1015 1020
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125
Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 1010

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1010

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260
tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320
ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380
ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440
tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560
acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620
tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1011

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1011

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

```
                725                 730                 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

            740                 745                 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
```

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

980 985 990

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1040 1045 1050

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1100 1105 1110

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1012

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1012

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000
acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060
tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120
agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180
gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240
tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300
acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1013

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1013

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly
385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

980 985 990

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125
Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1014

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1014

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120
agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180
gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240
tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300
acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360
cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1015

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1015

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr
965 970 975

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
995 1000 1005
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1010 1015 1020
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1040 1045 1050
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1055 1060 1065
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1070 1075 1080
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1085 1090 1095

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1100 1105 1110

Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 1016

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1016

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gggcgcgcca acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc 2940

cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact 3000

cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg 3060

gagagcgcta ccccggagag cgggccagga actagtactg agcctagcga gggaagtgca 3120

cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag tctggccctg gctctccagc gggctcaccc 3180

acgagcactg aagagggctc tcccgctggc agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca 3240

gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga 3300

cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1017

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1017

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

```
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly
385                 390                 395                 400
Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
                405                 410                 415
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

            420                 425                 430
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
```

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1018

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1018

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200
gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320
acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380
cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440
ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500
accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560
cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620
ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1019

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1019

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1235 1240 1245
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1265 1270 1275
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1280 1285 1290
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 1020

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1020

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1021

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1021

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1160 1165 1170
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1175 1180 1185
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1220 1225 1230
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1235 1240 1245
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1280 1285 1290
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1022

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1022

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560
acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620
tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1023

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1023

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly

385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1024

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1024

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1025

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1025

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

```
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020

Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080

Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140

Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1145                1150                1155
Pro Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1160                1165                1170
Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1175                1180                1185
Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1190                1195                1200

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
```

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

```
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                1555                1560

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                1570                1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                1585                1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                1600                1605
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                1615                1620

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                1630                1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                1645                1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                1660                1665
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
```

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 1026

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1026

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1027

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1027

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

```
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
```

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1175 1180 1185
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1190 1195 1200
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1220 1225 1230
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1235 1240 1245
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1250 1255 1260
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1280 1285 1290
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1028

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1028

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220
ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1029
<211> 1769
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1029

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly

385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

405 410 415

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

420 425 430

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

435 440 445

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

465 470 475 480

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

485 490 495

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

```
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val

    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln

    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His

    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro

    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                1555                1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
```

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1030

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1030

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1031

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1031

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1160 1165 1170

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1220 1225 1230

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1235 1240 1245

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1280 1285 1290

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1295 1300 1305

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1032

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1032

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540
ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600
ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660
ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720
gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780
ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840
actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1033

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1033

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

```
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
```

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

1160 1165 1170

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1175 1180 1185

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1190 1195 1200

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1205 1210 1215

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1220 1225 1230

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1235 1240 1245
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1250 1255 1260
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1265 1270 1275

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1280 1285 1290
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1295 1300 1305
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 1034

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1034

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3540
cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 3600

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 3660
ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 3720
ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 3780
agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 3840
acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 3900
cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1035

<211> 1919

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1035

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

1055 1060 1065

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1085 1090 1095

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1100 1105 1110

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

1115 1120 1125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1130 1135 1140

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1145 1150 1155

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1160 1165 1170

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1880 1885 1890

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1895 1900 1905

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915

<210> 1036

<211> 5760

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1036

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 5700

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5760

<210> 1037

<211> 1922

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1037

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1325 1330 1335
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1355 1360 1365
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1430 1435 1440
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1445 1450 1455
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1895 1900 1905
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1910 1915 1920

<210> 1038

<211> 5769

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1038

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860
tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280
acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 5700
gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5760
caccattga 5769

<210> 1039

<211> 1919

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1039

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1880 1885 1890

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1895 1900 1905

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915

<210> 1040

<211> 5760

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1040

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140

ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200

agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260

ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320

ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 5700
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5760

<210> 1041
<211> 1922
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1041

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1325 1330 1335
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1340 1345 1350
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1625 1630 1635
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1640 1645 1650
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1655 1660 1665
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1685 1690 1695
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1700 1705 1710
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1715 1720 1725
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1805 1810 1815
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1895 1900 1905

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915 1920

<210> 1042

<211> 5769

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1042

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact actttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 5700

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5760

caccattga 5769

<210> 1043

<211> 1919

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1043

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1880 1885 1890

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1895 1900 1905

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915

<210> 1044

<211> 5760

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1044

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760
ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820
gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880
ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940
ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000
gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060
ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140

ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200

agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260

ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320

ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 5700

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5760

<210> 1045

<211> 1922

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1045

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1310 1315 1320
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1340 1345 1350

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1355 1360 1365
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1370 1375 1380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1400 1405 1410

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1415 1420 1425
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1430 1435 1440
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1445 1450 1455
Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1805 1810 1815
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1895 1900 1905
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1910 1915 1920

<210> 1046
<211> 5769
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1046

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180
tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240
acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact actttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 5700

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5760

caccattga 5769

<210> 1047

<211> 1922

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1047

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

```
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225                 230                 235                 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

                245                 250                 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

        275                 280                 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

    290                 295                 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305                 310                 315                 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

                325                 330                 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

            340                 345                 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

        355                 360                 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

    370                 375                 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385                 390                 395                 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

                405                 410                 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

            420                 425                 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
```

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

```
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705                 710                 715                 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
                725                 730                 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
            740                 745                 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

            900                 905                 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
        915                 920                 925
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
```

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

```
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr
    1175                 1180                 1185
Gly Thr  Gly Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1190                 1195                 1200
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala

    1205                 1210                 1215
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1220                 1225                 1230
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1235                 1240                 1245
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1250                 1255                 1260
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser

    1265                 1270                 1275
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala

    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser

    1385                 1390                 1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
```

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1640 1645 1650
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1655 1660 1665
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1670 1675 1680
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1700 1705 1710
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1715 1720 1725
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1730 1735 1740
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1895 1900 1905

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915 1920

<210> 1048

<211> 5769

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1048

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940
ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000
gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060
ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120
tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180
tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagcccttt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 5700

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5760

caccattga 5769

<210> 1049

<211> 1919

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1049

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1880 1885 1890
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1895 1900 1905

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1910 1915

<210> 1050

<211> 5760

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1050

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960
ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080
agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140
ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200
agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260
ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320
ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 5700

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5760

<210> 1051

<211> 1922

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1051

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1310 1315 1320

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1355 1360 1365

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1370 1375 1380

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1385 1390 1395

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1400 1405 1410

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1415 1420 1425

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1430 1435 1440

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1445 1450 1455

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

1895 1900 1905

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915 1920

<210> 1052

<211> 5769

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1052

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctccccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860
tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280
acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 5700
gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5760
caccattga 5769

<210> 1053

<211> 1922

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1053

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
770 775 780

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
865 870 875 880

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
885 890 895

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1310 1315 1320
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1340 1345 1350
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1355 1360 1365
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1370 1375 1380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1385 1390 1395

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1400 1405 1410
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1415 1420 1425
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1430 1435 1440
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1445 1450 1455

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1580 1585 1590
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1640 1645 1650
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1655 1660 1665
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1700 1705 1710
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1715 1720 1725
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1730 1735 1740
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
1895 1900 1905
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1910 1915 1920

<210> 1054

<211> 5769

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1054

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280
acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 5700
gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 5760
caccattga 5769

<210> 1055

<211> 2072

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1055

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

1055 1060 1065

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1085 1090 1095

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1100 1105 1110

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

1115 1120 1125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1130 1135 1140

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1145 1150 1155

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1160 1165 1170

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1295 1300 1305

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1310 1315 1320

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1325 1330 1335

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1355 1360 1365

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1370 1375 1380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1385 1390 1395

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1400 1405 1410

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1415 1420 1425

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1430 1435 1440

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1445 1450 1455

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1460 1465 1470

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1475 1480 1485

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1490 1495 1500

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1505 1510 1515

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1520 1525 1530

```
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1535                1540                1545
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro

    1550                1555                1560
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1565                1570                1575
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1580                1585                1590
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1595                1600                1605
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu

    1610                1615                1620
Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1625                1630                1635
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1640                1645                1650
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1655                1660                1665
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala

    1670                1675                1680
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1685                1690                1695
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1700                1705                1710
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1715                1720                1725
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp

    1730                1735                1740
Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1745                1750                1755
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
```

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2000 2005 2010
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2015 2020 2025
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
2045 2050 2055
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2060 2065 2070

<210> 1056

<211> 6219

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1056

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680
ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800
tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860
ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920
tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980
tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040
gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 3840

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3900

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3960

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4020

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4080

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4140

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4200

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4260

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 4320

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 4380

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 4440

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 4500

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 4560

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 4620

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 4680

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 4740

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 4800

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 6180

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 6219

<210> 1057

<211> 2069

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1057

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

```
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545                 550                 555                 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
                565                 570                 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
            580                 585                 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
        595                 600                 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    610                 615                 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625                 630                 635                 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
                645                 650                 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
            660                 665                 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
        675                 680                 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp
```

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
1055 1060 1065
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1085 1090 1095
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1100 1105 1110
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1115 1120 1125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1130 1135 1140

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1145 1150 1155
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1160 1165 1170
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

```
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1415                1420                1425
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1430                1435                1440

Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1445                1450                1455
Pro Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1460                1465                1470
Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1475                1480                1485
Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1490                1495                1500

Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1505                1510                1515
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
    1520                1525                1530
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1535                1540                1545
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1550                1555                1560

Thr Glu  Glu Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1565                1570                1575
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser
    1580                1585                1590
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Ala Pro
    1595                1600                1605
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1610                1615                1620

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1625                1630                1635
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
```

1640 1645 1650

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1655 1660 1665

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1670 1675 1680

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1685 1690 1695

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1700 1705 1710

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1715 1720 1725

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1730 1735 1740

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1745 1750 1755

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1760 1765 1770

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1775 1780 1785

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1790 1795 1800

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1805 1810 1815

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1820 1825 1830

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1835 1840 1845

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1850 1855 1860

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1865 1870 1875

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1880 1885 1890
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1895 1900 1905
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1910 1915 1920

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1925 1930 1935
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1940 1945 1950
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1955 1960 1965
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1970 1975 1980

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1985 1990 1995
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
2000 2005 2010
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
2015 2020 2025
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
2030 2035 2040

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
2045 2050 2055
Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2060 2065

<210> 1058
<211> 6210
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1058

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860
ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920
tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980
tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040
gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240
cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300
cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360
actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420
cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 4380

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 4440

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 4500

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 4560

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 4620

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 4680

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 4740

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 4800

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 4860

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4920

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4980

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 5040

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 5100

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 5160

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 5220

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 5280

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 5340

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 5400

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 5460

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 5520

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 5580

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 5640

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 5700

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 5760

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 5820

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 5880

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5940

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 6000

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 6060

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 6120

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 6180

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 6210

<210> 1059

<211> 2072

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1059

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

```
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
            820                 825                 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

        835                 840                 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
    850                 855                 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865                 870                 875                 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
                885                 890                 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

            900                 905                 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
        915                 920                 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
    930                 935                 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945                 950                 955                 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

                965                 970                 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
            980                 985                 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg  Gly Met Thr Ala Leu  Leu Lys Val
        995                 1000                1005
Ser Ser  Cys Asp Lys Asn Thr  Gly Asp Tyr Tyr Glu  Asp Ser Tyr
    1010                1015                1020
Glu Asp  Ile Ser Ala Tyr Leu  Leu Ser Lys Asn Asn  Ala Ile Glu

    1025                1030                1035
Pro Arg  Ser Phe Ser Gln Asn  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050
Arg Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
```

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1460 1465 1470

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1475 1480 1485

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1505 1510 1515

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1535 1540 1545

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1565 1570 1575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1595 1600 1605

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

2045 2050 2055

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2060 2065 2070

<210> 1060

<211> 6219

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1060

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380

gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctcccccac atcaacagag 4740

gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800

gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 6180

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 6219

<210> 1061

<211> 2072

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1061

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

```
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1415                 1420                 1425
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1430                 1435                 1440
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1445                 1450                 1455

Arg Gly  Ala Pro Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1460                 1465                 1470
Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1475                 1480                 1485
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1490                 1495                 1500
Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1505                 1510                 1515

Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1520                 1525                 1530
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Pro
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1550                 1555                 1560
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1565                 1570                 1575

Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1580                 1585                 1590
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ala Ser
    1595                 1600                 1605
Ser Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1610                 1615                 1620
Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1625                 1630                 1635

Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
```

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1880 1885 1890
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1895 1900 1905
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1910 1915 1920
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1940 1945 1950
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1955 1960 1965
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1970 1975 1980
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2000 2005 2010
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2015 2020 2025
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2030 2035 2040
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
2045 2050 2055

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2060 2065 2070
<210> 1062
<211> 6219
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1062

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380

gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctcccccac atcaacagag 4740

gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800

gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 6180

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 6219

<210> 1063

<211> 2072

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1063

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1460 1465 1470

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1475 1480 1485

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1505 1510 1515

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1535 1540 1545
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1550 1555 1560
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1565 1570 1575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1580 1585 1590
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1595 1600 1605
Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1610 1615 1620
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1640 1645 1650
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1655 1660 1665
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1670 1675 1680
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1700 1705 1710
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1715 1720 1725
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1730 1735 1740
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2030 2035 2040

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
2045 2050 2055

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2060 2065 2070

<210> 1064

<211> 6219

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1064

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760
ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820
gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880
ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940
ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000
gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060
ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180
tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380

gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctccccccac atcaacagag 4740

gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800

gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat 6180

ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat caccattga 6219

<210> 1065

<211> 2222

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1065

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
1055 1060 1065
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1070 1075 1080
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1085 1090 1095

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1100 1105 1110
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1115 1120 1125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1130 1135 1140
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1145 1150 1155

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1160 1165 1170
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1295 1300 1305

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1310 1315 1320

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1325 1330 1335

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1355 1360 1365

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1370 1375 1380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1385 1390 1395

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1400 1405 1410

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1415 1420 1425
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1430 1435 1440
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1445 1450 1455

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1460 1465 1470
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1475 1480 1485
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1490 1495 1500
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1505 1510 1515

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1520 1525 1530
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1535 1540 1545
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1550 1555 1560
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1565 1570 1575

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1580 1585 1590
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1595 1600 1605
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1610 1615 1620
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1625 1630 1635

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1640 1645 1650

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1655 1660 1665

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1670 1675 1680

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1685 1690 1695

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1700 1705 1710

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1715 1720 1725

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1730 1735 1740

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1745 1750 1755

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1760 1765 1770

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1775 1780 1785

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1790 1795 1800

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1805 1810 1815

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1820 1825 1830

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1835 1840 1845

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1850 1855 1860

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1865 1870 1875

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1880 1885 1890
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1895 1900 1905
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1910 1915 1920
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1925 1930 1935

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1940 1945 1950
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1955 1960 1965
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1970 1975 1980
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1985 1990 1995

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
2000 2005 2010
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
2015 2020 2025
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
2030 2035 2040
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
2045 2050 2055

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
2060 2065 2070
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
2075 2080 2085
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
2090 2095 2100
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

2105 2110 2115

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
2120 2125 2130
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
2135 2140 2145
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2150 2155 2160
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2165 2170 2175

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2180 2185 2190
Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu
2195 2200 2205
Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2210 2215 2220

<210> 1066

<211> 6669

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1066

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120
ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180
tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240
acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300
ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360
accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480
cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 3840

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3900

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3960

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4020

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4080

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4140

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4200

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4260
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 4320
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 4380
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 4440
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 4500
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 4560
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 4620

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 4680
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 4740
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 4800
actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 4860
tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4920
gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4980
acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 5040

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 5100
tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 5160
tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 5220
agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 5280
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 5340
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 5400
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 5460

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 5520
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 5580
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 5640
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 5700
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 5760
tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 5820
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 5880

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5940

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 6000

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 6060

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 6120

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 6180

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 6240

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 6300

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 6360

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 6420

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 6480

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 6540

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 6600

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 6660

caccattga 6669

<210> 1067

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1067

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1068

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1068

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340
cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1069

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1069

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
            20                  25                  30
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        35                  40                  45
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
    50                  55                  60
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65                  70                  75                  80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                85                  90                  95
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
            100                 105                 110
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
        115                 120                 125
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
    130                 135                 140

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145                 150                 155                 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
```

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

```
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
```

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1070

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1070

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1071

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1071

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

```
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145                 150                 155                 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
                165                 170                 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
    370                 375                 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
```

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

```
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185

Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245

Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
```

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1072

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1072

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340
cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1073

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1073

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

```
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
    50                  55                  60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65                  70                  75                  80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
                85                  90                  95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            100                 105                 110
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
        115                 120                 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
    130                 135                 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145                 150                 155                 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                165                 170                 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
```

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1074

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1074

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180
gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240
gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360
acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420
acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480
ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540
acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1075

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1075

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
165 170 175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1076
<211> 6162
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1076
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccaccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180
tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240
gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300
ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360
cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420
gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480
gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatattttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1077

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1077

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455

Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515

Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

```
    1550                1555                1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                1570                1575

Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                1585                1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                1600                1605
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                1615                1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                1630                1635

Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                1645                1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                1660                1665
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                1675                1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                1690                1695

Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1700                1705                1710
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1715                1720                1725
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1730                1735                1740
Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1745                1750                1755

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1760                1765                1770
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1775                1780                1785
```

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1078

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1078

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1079
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1079
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945                 950                 955                 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                965                 970                 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            980                 985                 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
        995                 1000                1005
```

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

```
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                 1555                 1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                 1570                 1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                 1585                 1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                 1600                 1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                 1660                 1665

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
```

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1080
<211> 6162
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1080
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180
gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240
gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300
ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360
acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420
acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1081
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1081

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635

Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                 1660                 1665
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695

Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1700                 1705                 1710
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1715                 1720                 1725
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1730                 1735                 1740
Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1745                 1750                 1755

Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1760                 1765                 1770
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1775                 1780                 1785
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1790                 1795                 1800
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1805                 1810                 1815

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1820                 1825                 1830
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1082

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1082

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1083
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1083

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1084

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1084

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1085

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1085

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

```
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
```

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1086

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1086

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1087

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1087

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Thr Ser Glu
20 25 30

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
35 40 45

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
50 55 60

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
65 70 75 80

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
85 90 95

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

100 105 110

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
115 120 125
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
130 135 140
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
145 150 155 160
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

```
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
    370                 375                 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385                 390                 395                 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
                405                 410                 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
```

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

```
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945                 950                 955                 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                965                 970                 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            980                 985                 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
        995                 1000                1005

Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1010                1015                1020
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1025                1030                1035
Ser Ala  Pro Gly Ala Ser Ser  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050
Arg Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065

Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
```

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                 1330                 1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                 1345                 1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                 1360                 1365

Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                 1375                 1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                 1390                 1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                 1405                 1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                 1420                 1425

Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                 1435                 1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                 1450                 1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                 1465                 1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1088

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1088

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaaca tcagagagcg ccacccctga aagtggtccc 120

gggagcgagc cagccacatc tgggtcggaa acgccaggca caagtgagtc tgcaactccc 180

gagtccggac ctggctccga gcctgccact agcggctccg agactccggg aacttccgag 240

agcgctacac cagaaagcgg acccggaacc agtaccgaac ctagcgaggg ctctgctccg 300

ggcagcccag ccggctctcc tacatccacg gaggagggca cttccgaatc cgccaccccg 360

gagtcagggc caggatctga acccgctacc tcaggcagtg agacgccagg aacgagcgag 420

tccgctacac cggagagtgg gccagggagc cctgctggat ctcctacgtc cactgaggaa 480

gggtcaccag cgggctcgcc caccagcact gaagaaggtg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1089

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1089

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala
35 40 45
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
50 55 60
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
65 70 75 80

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
85 90 95
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
100 105 110
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
115 120 125
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
130 135 140

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
145 150 155 160
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
165 170 175
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

```
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455

Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1090

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1090

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccaa catcagagag cgccaccct gaaagtggtc ccgggagcga gccagccaca 180

tctgggtcgg aaacgccagg cacaagtgag tctgcaactc ccgagtccgg acctggctcc 240

gagcctgcca ctagcggctc cgagactccg ggaacttccg agagcgctac accagaaagc 300

ggacccggaa ccagtaccga acctagcgag ggctctgctc cgggcagccc agccggctct 360

cctacatcca cggaggaggg cacttccgaa tccgccaccc cggagtcagg gccaggatct 420

gaacccgcta cctcaggcag tgagacgcca ggaacgagcg agtccgctac accggagagt 480

gggccaggga gccctgctgg atctcctacg tccactgagg aagggtcacc agcgggctcg 540

cccaccagca ctgaagaagg tgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1091

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1091

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

```
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185

Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245

Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
```

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1092

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1092

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340
cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1093

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1093

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly
385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
485 490 495
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540

Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1094

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1094

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1095

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1095

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1096
<211> 6162
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1096
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatattttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1097

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1097

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Gly
385 390 395 400

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
405 410 415
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
420 425 430
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
435 440 445
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
450 455 460

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
465 470 475 480
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
485 490 495
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
500 505 510
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
515 520 525

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
530 535 540
Pro Gly Ala Ser Ser Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1098

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1098

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcggc 1200

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1260

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1320

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1380

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1440

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1500

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 1560

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 1620

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1099
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1099
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

```
        755                 760                 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
    770                 775                 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785                 790                 795                 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                805                 810                 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
            820                 825                 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
        835                 840                 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    850                 855                 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865                 870                 875                 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
            980                 985                 990
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
        995                 1000                1005
```

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1010 1015 1020
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1025 1030 1035
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1040 1045 1050
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
1070 1075 1080
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1085 1090 1095
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1100 1105 1110
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

```
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                 1555                 1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                 1570                 1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                 1585                 1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                 1600                 1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                 1660                 1665

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
```

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1100
<211> 6162
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1100

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1101

<211> 2056

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1101

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1310 1315 1320
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1340 1345 1350
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1355 1360 1365
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1430 1435 1440

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1655 1660 1665
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1670 1675 1680
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1730 1735 1740
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1745 1750 1755

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1760 1765 1770
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1775 1780 1785
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1790 1795 1800
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1805 1810 1815

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1820 1825 1830
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1835 1840 1845

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1850 1855 1860

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

1865 1870 1875

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1880 1885 1890

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1895 1900 1905

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1910 1915 1920

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1925 1930 1935

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1940 1945 1950

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1955 1960 1965

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1970 1975 1980

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1985 1990 1995

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2000 2005 2010

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2015 2020 2025

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2030 2035 2040

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050 2055

<210>

1102

<211> 6171

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1102

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 5280

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 5340

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 5400
gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 5460
ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 5520
gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 5580
gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 5640
ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 5700
ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 5760

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 5820
gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 5880
ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 5940
ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6000
gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6060
ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 6120
tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 6171

<210> 1103
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1103

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr
965 970 975
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
995 1000 1005

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1010 1015 1020
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1040 1045 1050
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

1055 1060 1065

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1070 1075 1080
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1085 1090 1095
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1100 1105 1110
Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1104

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1104

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gggcgcgcca acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc 2940

cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact 3000

cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg 3060

gagagcgcta ccccggagag cgggccagga actagtactg agcctagcga gggaagtgca 3120

cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag tctggccctg gctctccagc gggctcaccc 3180

acgagcactg aagagggctc tcccgctggc agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca 3240

gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga 3300

cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1105

<211> 2056

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1105

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

```
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465                 470                 475                 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
```

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1310 1315 1320

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1325 1330 1335

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1340 1345 1350

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1355 1360 1365

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1370 1375 1380

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1385 1390 1395

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1400 1405 1410

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1415 1420 1425

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1430 1435 1440
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1460 1465 1470
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1475 1480 1485
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1490 1495 1500
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1520 1525 1530
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1535 1540 1545
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1550 1555 1560
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1580 1585 1590
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1595 1600 1605
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1610 1615 1620
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1640 1645 1650
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1685 1690 1695

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1700 1705 1710

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1730 1735 1740

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1745 1750 1755

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1760 1765 1770

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1775 1780 1785

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1790 1795 1800

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1805 1810 1815

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1820 1825 1830

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1835 1840 1845

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1850 1855 1860

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

1865 1870 1875

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1880 1885 1890

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1895 1900 1905
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1910 1915 1920
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1925 1930 1935

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1940 1945 1950
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1955 1960 1965
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1970 1975 1980
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1985 1990 1995

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2000 2005 2010
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2015 2020 2025
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2030 2035 2040
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050 2055

<210>
1106
<211> 6171
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1106
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccтttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 5280

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 5340

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 5400

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 5460

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 5520

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 5580

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 5640

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 5700

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 5760

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 5820

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 5880

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 5940

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6000

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6060

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 6120

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 6171

<210> 1107

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1107

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr
965 970 975
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
995 1000 1005

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1010 1015 1020
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1040 1045 1050
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
1055 1060 1065

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1070 1075 1080
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1085 1090 1095

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1100 1105 1110

Gly Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1108

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1108

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gggcgcgcca acgtccgaaa gtgctacccc tgagtcaggc 2940

cctggtagtg agcctgccac aagcggaagc gaaactccgg ggacctcaga gtctgccact 3000

cccgaatcgg ggccaggctc tgaaccggcc acttcaggga gcgaaacacc aggaacatcg 3060

gagagcgcta ccccggagag cgggccagga actagtactg agcctagcga gggaagtgca 3120
cctggtacaa gcgagtccgc cacacccgag tctggccctg gctctccagc gggctcaccc 3180
acgagcactg aagagggctc tcccgctggc agcccaacgt cgacagaaga aggatcacca 3240
gcaggctccc ccacatcaac agaggagggt acatcagaat ctgctactcc cgagagtgga 3300
cccggtacct ccactgagcc cagcgagggg agtgcaccag gtgcctcgag cagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1109

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1109

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
980 985 990
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1010 1015 1020

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1025 1030 1035

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1040 1045 1050

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1055 1060 1065

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1070 1075 1080

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1085 1090 1095

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1100 1105 1110

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1115 1120 1125

Ala Ser Ser Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

```
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455

Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1110

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1110

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcggcgcgc caacgtccga aagtgctacc cctgagtcag gccctggtag tgagcctgcc 3000

acaagcggaa gcgaaactcc ggggacctca gagtctgcca ctcccgaatc ggggccaggc 3060

tctgaaccgg ccacttcagg gagcgaaaca ccaggaacat cggagagcgc taccccggag 3120

agcgggccag gaactagtac tgagcctagc gagggaagtg cacctggtac aagcgagtcc 3180

gccacacccg agtctggccc tggctctcca gcgggctcac ccacgagcac tgaagagggc 3240

tctcccgctg gcagcccaac gtcgacagaa gaaggatcac cagcaggctc ccccacatca 3300

acagaggagg gtacatcaga atctgctact cccgagagtg gacccggtac ctccactgag 3360

cccagcgagg ggagtgcacc aggtgcctcg agcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1111

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1111

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

```
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1145                1150                1155
Pro Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1160                1165                1170
Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1175                1180                1185

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1190                1195                1200
Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1205                1210                1215
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
    1220                1225                1230
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1235                1240                1245

Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1250                1255                1260
Thr Glu  Glu Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1265                1270                1275
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser
    1280                1285                1290
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Ala Pro
    1295                1300                1305

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                1315                1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
```

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1112

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1112

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340
cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1113

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1113

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

```
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
```

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1160 1165 1170
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1175 1180 1185
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1205 1210 1215

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1220 1225 1230
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1235 1240 1245
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1265 1270 1275

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1280 1285 1290
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1295 1300 1305
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1114

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1114

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct 3540

ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc 3600

ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt tcacctggta gctccccttc cgcgtccact 3660

ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct 3720

gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc 3780

ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc 3840

actggatcac cagggagctc gacaccttcc ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg 3900

ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg agccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1115

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1115

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1190 1195 1200
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1205 1210 1215
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1220 1225 1230
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1250 1255 1260
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1265 1270 1275
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1280 1285 1290
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1116
<211> 6162
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1116
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1117

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1117

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1175 1180 1185
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1190 1195 1200
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1220 1225 1230
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1235 1240 1245
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1250 1255 1260
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1280 1285 1290
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1118

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1118

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1119
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1119
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

```
        755                 760                 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
    770                 775                 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785                 790                 795                 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                805                 810                 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
            820                 825                 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
        835                 840                 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    850                 855                 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865                 870                 875                 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155
Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1190 1195 1200
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1205 1210 1215
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1220 1225 1230
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1250 1255 1260
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1265 1270 1275
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1280 1285 1290
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

```
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                 1555                 1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                 1570                 1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                 1585                 1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                 1600                 1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1655                 1660                 1665

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
```

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1120

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1120

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1121
<211> 2053
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1121

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
1160 1165 1170
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1175 1180 1185
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1190 1195 1200
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1205 1210 1215

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
1220 1225 1230
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1235 1240 1245
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1250 1255 1260
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1265 1270 1275

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1280 1285 1290
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1295 1300 1305
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1122

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1122

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3540

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 3600

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 3660

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 3720

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 3780

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 3840

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 3900

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1123
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1123

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Thr Ser Thr

755 760 765

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

770 775 780

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

785 790 795 800

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

805 810 815

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
820 825 830

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
835 840 845

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
850 855 860

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
865 870 875 880

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
885 890 895

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1145 1150 1155
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 1124

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1124

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaacaag caccgaacct agcgagggca gcgctcccgg cagccctgcc 2340

ggcagcccaa cctcaactga ggagggcacc agtactgagc ccagcgaggg atcagcacct 2400

ggcaccagca ccgaacctag cgaggggagc gcccctggga ctagcgagtc agctacacca 2460

gagagcgggc ctggaacttc taccgaaccc agtgagggat ccgctccagg cacctccgaa 2520

tccgcaaccc ccgaatccgg acctggctca gagcccgcca ccagcgggag cgaaacccct 2580

ggcacatcca ccgagcctag cgaagggtcc gcacccggca ccagtacaga gcctagcgag 2640

ggatcagcac ctggcaccag tgaatctgct acaccagaga gcggccctgg aacctccgag 2700

tccgctaccc ccgagagcgg gccaggtgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 1125
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1125

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1010 1015 1020
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1025 1030 1035
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1040 1045 1050
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1055 1060 1065

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1070 1075 1080
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1085 1090 1095
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1100 1105 1110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1115 1120 1125

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1130 1135 1140
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1145 1150 1155
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1160 1165 1170
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1190 1195 1200
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1205 1210 1215
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

```
    1340                1345                1350
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1355                1360                1365

Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1370                1375                1380
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1385                1390                1395
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1400                1405                1410
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1415                1420                1425

Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1430                1435                1440
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1445                1450                1455
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1460                1465                1470
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1475                1480                1485

Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1490                1495                1500
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1505                1510                1515
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1520                1525                1530
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1535                1540                1545

Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1550                1555                1560
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1565                1570                1575
```

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 1126

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1126

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctccctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3060

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 3120

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 3180

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 3240

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 3300

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 3360

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 3420

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 3480

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 1127

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1127

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

```
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
                405                 410                 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
            420                 425                 430
```

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
1010 1015 1020
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1025 1030 1035
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1040 1045 1050
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1055 1060 1065

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1070 1075 1080
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1085 1090 1095
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1100 1105 1110
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1115 1120 1125

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1130 1135 1140
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1145 1150 1155
Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615
<210> 1128

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1128

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3060

ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 3120

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 3180

cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 3240

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 3300

ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 3360

agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 3420

tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 3480

gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 1129

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1129

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
```

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

```
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
            740                 745                 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
            820                 825                 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
        835                 840                 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
```

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

995 1000 1005

Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1010 1015 1020

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1025 1030 1035

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1040 1045 1050

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1055 1060 1065

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1070 1075 1080

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1085 1090 1095

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1100 1105 1110

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1115 1120 1125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1130 1135 1140

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1220 1225 1230
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1610 1615

<210> 1130

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1130

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3060
gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 3120
ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 3180

gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 3240
ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 3300
agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 3360
ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 3420
ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 1131

<211> 1619

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1131

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

450 455 460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

485 490 495

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

500 505 510

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

515 520 525

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

```
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065

Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
```

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 1132

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1132

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800

aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 1133

<211> 1857

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1133

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Gln
885 890 895
Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala
900 905 910
Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu
915 920 925
Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
930 935 940

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly
945 950 955 960
Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu
965 970 975
Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
980 985 990
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln
995 1000 1005

Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys
1010 1015 1020
Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
1025 1030 1035
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu
1040 1045 1050
Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys
1055 1060 1065

His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val

1070 1075 1080

Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser

1085 1090 1095

Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys

1100 1105 1110

Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe

1115 1120 1125

His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val

1130 1135 1140

Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly

1145 1150 1155

Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe

1160 1165 1170

Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu

1175 1180 1185

Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala

1190 1195 1200

Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala

1205 1210 1215

Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr

1220 1225 1230

Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr

1235 1240 1245

Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu

1250 1255 1260

His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe

1265 1270 1275

Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly

1280 1285 1290

Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile

1295 1300 1305

```
Ser Gln  Phe Ile Ile Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln
    1310                1315                1320
Thr Tyr  Arg Gly Asn Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly
    1325                1330                1335
Asn Val  Asp Ser Ser Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro
    1340                1345                1350
Ile Ile  Ala Arg Tyr Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile
    1355                1360                1365

Arg Ser  Thr Leu Arg Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser
    1370                1375                1380
Cys Ser  Met Pro Leu Gly Met  Glu Ser Lys Ala Ile  Ser Asp Ala
    1385                1390                1395
Gln Ile  Thr Ala Ser Ser Tyr  Phe Thr Asn Met Phe  Ala Thr Trp
    1400                1405                1410
Ser Pro  Ser Lys Ala Arg Leu  His Leu Gln Gly Arg  Ser Asn Ala
    1415                1420                1425

Trp Arg  Pro Gln Val Asn Asn  Pro Lys Glu Trp Leu  Gln Val Asp
    1430                1435                1440
Phe Gln  Lys Thr Met Lys Val  Thr Gly Val Thr Thr  Gln Gly Val
    1445                1450                1455
Lys Ser  Leu Leu Thr Ser Met  Tyr Val Lys Glu Phe  Leu Ile Ser
    1460                1465                1470
Ser Ser  Gln Asp Gly His Gln  Trp Thr Leu Phe Phe  Gln Asn Gly
    1475                1480                1485

Lys Val  Lys Val Phe Gln Gly  Asn Gln Asp Ser Phe  Thr Pro Val
    1490                1495                1500
Val Asn  Ser Leu Asp Pro Pro  Leu Leu Thr Arg Tyr  Leu Arg Ile
    1505                1510                1515
His Pro  Gln Ser Trp Val His  Gln Ile Ala Leu Arg  Met Glu Val
    1520                1525                1530
Leu Gly  Cys Glu Ala Gln Asp  Leu Tyr Gly Ala Pro  Gly Thr Ser
```

1535 1540 1545

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1550 1555 1560
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1565 1570 1575
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1580 1585 1590
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1595 1600 1605

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1610 1615 1620
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1625 1630 1635
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1640 1645 1650
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1655 1660 1665

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1670 1675 1680
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1685 1690 1695
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1700 1705 1710
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1715 1720 1725

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1730 1735 1740
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1745 1750 1755
Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1760 1765 1770

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1775 1780 1785

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1790 1795 1800
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1805 1810 1815
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1820 1825 1830
Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro
1835 1840 1845

Ala Thr Gly His His His His His His
1850 1855

<210> 1134

<211> 5574

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1134

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagccagag cccccgcagc 2700

tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg 2760

atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc 2820

aagaaagttg ttttccagga atttactgat ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga 2880

gaactaaatg aacatttggg actcctgggg ccatatataa gagcagaagt tgaagataat 2940

atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct cgtccctatt ccttctattc tagccttatt 3000

tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat 3060

gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa catcatatgg cacccactaa agatgagttt 3120

gactgcaaag cctgggctta tttctctgat gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc 3180

ctgattggac cccttctggt ctgccacact aacacactga accctgctca tgggagacaa 3240

gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc accatctttg atgagaccaa aagctggtac 3300

ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg gctccctgca atatccagat ggaagatccc 3360

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 3420

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 3480

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 3540

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 3600

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 3660

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 3720

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 3780

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 3840

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 3900

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 3960

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 4020

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 4080

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 4140

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 4200

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 4260

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 4320

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 4380

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 4440

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 4500
acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 4560
cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 4620
ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct gctacccccg agtcagggcc aggatcagag 4680
ccagccacct ccgggtctga gacacccggg acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga 4740
cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc 4800
ccagagtcag gaccaggaac atctacagag ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca 4860

gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg 4920
ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc gagacaccag gcacctctga gtccgccaca 4980
ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg agccccacct ccactgagga gggatctcct 5040
gctggctctc caacatctac tgaggaaggt acctcaaccg agccatccga gggatcagct 5100
cccggcacct cagagtcggc aaccccggag tctggacccg gaacttccga aagtgccaca 5160
ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa 5220
cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca 5280

cccggatctc cggcaggctc accaacctcc actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc 5340
gagggctccg cacccggaac aagcactgaa cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag 5400
ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc 5460
ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc 5520
atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 5574

<210> 1135

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1135

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Phe Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

```
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080

Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140

Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200

Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1235                1240                1245
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
```

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

```
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1490                 1495                 1500

Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1505                 1510                 1515
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1520                 1525                 1530
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1535                 1540                 1545
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1550                 1555                 1560

Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1565                 1570                 1575
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1580                 1585                 1590
Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1595                 1600                 1605
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1610                 1615                 1620

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1625                 1630                 1635
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1640                 1645                 1650
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1655                 1660                 1665
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1670                 1675                 1680

Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1685                 1690                 1695
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1700                 1705                 1710
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Ser  Pro Ala Gly
```

1715 1720 1725

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1730 1735 1740

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1745 1750 1755

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1760 1765 1770

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1775 1780 1785

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1835 1840 1845

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1850 1855 1860

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1865 1870 1875

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 1136

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1136

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttttga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 4800

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 4860

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 4920

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 4980

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5040

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 5100

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 5160

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 5220

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 5280

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 5340

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 5400

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 5460

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 5520

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 5580
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 5640
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700
catcaccatt ga 5712

<210> 1137

<211> 1903

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1137

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Phe Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1145 1150 1155

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1160 1165 1170

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1175 1180 1185

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1190 1195 1200

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1205 1210 1215

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1220 1225 1230

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1250 1255 1260

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1265 1270 1275

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1280 1285 1290

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1310 1315 1320

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1325 1330 1335

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1340 1345 1350

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1370 1375 1380

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1385 1390 1395

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1400 1405 1410

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1430 1435 1440

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1445 1450 1455

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1490 1495 1500

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1505 1510 1515

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1520 1525 1530

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1550 1555 1560

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1565 1570 1575

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1580 1585 1590

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1595 1600 1605

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1610 1615 1620

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1625 1630 1635

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1640 1645 1650

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1655 1660 1665

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1670 1675 1680

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1685 1690 1695

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1700 1705 1710

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1715 1720 1725

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1730 1735 1740

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1745 1750 1755

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1760 1765 1770

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1775 1780 1785

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1805 1810 1815

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1835 1840 1845

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1850 1855 1860

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1865 1870 1875

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1880 1885 1890

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1895 1900

<210> 1138

<211> 5712

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1138

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttttga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 4200

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 4800

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 4860

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 4920

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 4980

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5040

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 5100

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 5160

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 5220

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 5280

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 5340

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 5400

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 5460

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 5520

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 5580

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 5640

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5700

catcaccatt ga 5712

<210> 1139

<211> 1602

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1139

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

```
        755                 760                 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

    770                 775                 780
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
785                 790                 795                 800
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
                805                 810                 815
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
            820                 825                 830
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

        835                 840                 845
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
    850                 855                 860
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
865                 870                 875                 880
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser
                885                 890                 895
Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

            900                 905                 910
Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg
        915                 920                 925
Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg
    930                 935                 940
Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg
945                 950                 955                 960
Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

                965                 970                 975
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn
            980                 985                 990
Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg Ala Glu  Val Glu Asp
        995                 1000                1005
```

```
Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala Ser Arg  Pro Tyr Ser
    1010                 1015                 1020
Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu Asp Gln  Arg Gln Gly

    1025                 1030                 1035
Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro Asn Glu  Thr Lys Thr
    1040                 1045                 1050
Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala Pro Thr  Lys Asp Glu
    1055                 1060                 1065
Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser Asp Val  Asp Leu Glu
    1070                 1075                 1080
Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro Leu Leu  Val Cys His

    1085                 1090                 1095
Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg Gln Val  Thr Val Gln
    1100                 1105                 1110
Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp Glu Thr  Lys Ser Trp
    1115                 1120                 1125
Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys Arg Ala  Pro Cys Asn
    1130                 1135                 1140
Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu Asn Tyr  Arg Phe His

    1145                 1150                 1155
Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu Pro Gly  Leu Val Met
    1160                 1165                 1170
Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu Leu Ser  Met Gly Ser
    1175                 1180                 1185
Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser Gly His  Val Phe Thr
    1190                 1195                 1200
Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala Leu Tyr  Asn Leu Tyr

    1205                 1210                 1215
Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu Pro Ser  Lys Ala Gly
    1220                 1225                 1230
Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu His Leu  His Ala Gly
```

1235 1240 1245

Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro

1250 1255 1260

Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala

1265 1270 1275

Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His

1280 1285 1290

Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser

1295 1300 1305

Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile

1310 1315 1320

Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser

1325 1330 1335

Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr

1340 1345 1350

Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn

1355 1360 1365

Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile

1370 1375 1380

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg

1385 1390 1395

Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys

1400 1405 1410

Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln

1415 1420 1425

Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser

1430 1435 1440

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp

1445 1450 1455

Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe

1460 1465 1470

Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys
1475 1480 1485
Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser
1490 1495 1500
Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys

1505 1510 1515
Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val
1520 1525 1530
Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His
1535 1540 1545
Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu
1550 1555 1560
Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala

1565 1570 1575
Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro
1580 1585 1590
Ala Thr Gly His His His His His His
1595 1600

<210> 1140

<211> 4809

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1140

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca cccggatcgg gtacagcgtc atcgagcccc 2280

ggtgcgtcac ctggtacgtc gagcacgggg tcgccagggg cgtcccctgg gacgtcctca 2340

acaggctcgc ccggtgcgtc acccggcacg tcgtccacgg gttcacctgg tagctcccct 2400

tccgcgtcca ctggcaccgg gcctggaact ccggggagcg gcacagcgag ctcgtcgccg 2460

ggagcatcgc ctgggacatc gagcaccggg tcgccaggag catcgcccgg aacatccagc 2520

acaggaagcc ccggcgcgtc gcccgggaca tcaagcacag gttccccggg atcgagcacg 2580

ccgtccggag ccactggatc accagggagc tcgacacctt ccggcgcaac gggatcgccc 2640

ggagccagcc cgggtacgtc aagcactggc tcccctgcct cgagctcaga tcaagaggaa 2700

atcgattatg atgataccat atcagttgaa atgaagaagg aagattttga catttatgat 2760

gaggatgaaa atcagagccc ccgcagcttt caaaagaaaa cacgacacta ttttattgct 2820

gcagtggaga ggctctggga ttatgggatg agtagctccc cacatgttct aagaaacagg 2880

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 2940

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3000

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3060

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3120

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3180

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3240

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3300

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3360

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 3420

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 3480

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 3540

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 3600

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 3660

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 3720

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 3780

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 3840

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 3900

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 3960

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4020

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 4080

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 4140

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 4200

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 4260

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 4320

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 4380

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 4440

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 4500

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 4560

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 4620

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 4680

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgccg gatcacctgg ggccgaaacg 4740

gccgaacaaa aactcatctc agaagaggat ctgtcacctg caaccggtca tcatcaccat 4800

caccattga 4809

<210> 1141

<211> 1886

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1141

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

```
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
```

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
785 790 795 800
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
805 810 815
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

820 825 830

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

835 840 845

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser

885 890 895

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

900 905 910

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg

915 920 925

Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg

930 935 940

Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg

945 950 955 960

Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

965 970 975

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn

980 985 990

Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp

995 1000 1005

Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser

1010 1015 1020

Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly

1025 1030 1035

Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr

1040 1045 1050

Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu

1055 1060 1065

```
Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser Asp Val  Asp Leu Glu
    1070                1075                1080
Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro Leu Leu  Val Cys His
    1085                1090                1095

Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg Gln Val  Thr Val Gln
    1100                1105                1110
Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp Glu Thr  Lys Ser Trp
    1115                1120                1125
Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys Arg Ala  Pro Cys Asn
    1130                1135                1140
Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu Asn Tyr  Arg Phe His
    1145                1150                1155

Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu Pro Gly  Leu Val Met
    1160                1165                1170
Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu Leu Ser  Met Gly Ser
    1175                1180                1185
Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser Gly His  Val Phe Thr
    1190                1195                1200
Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala Leu Tyr  Asn Leu Tyr
    1205                1210                1215

Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu Pro Ser  Lys Ala Gly
    1220                1225                1230
Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu His Leu  His Ala Gly
    1235                1240                1245
Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn Lys Cys  Gln Thr Pro
    1250                1255                1260
Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp Phe Gln  Ile Thr Ala
    1265                1270                1275

Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys Leu Ala  Arg Leu His
    1280                1285                1290
Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr Lys Glu  Pro Phe Ser
```

1295 1300 1305

Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile

1310 1315 1320

Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser

1325 1330 1335

Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr

1340 1345 1350

Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn

1355 1360 1365

Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile

1370 1375 1380

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg

1385 1390 1395

Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys

1400 1405 1410

Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln

1415 1420 1425

Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser

1430 1435 1440

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp

1445 1450 1455

Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe

1460 1465 1470

Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys

1475 1480 1485

Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser

1490 1495 1500

Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys

1505 1510 1515

Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val

1520 1525 1530

Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His
1535 1540 1545
Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu
1550 1555 1560
Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1565 1570 1575

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
1580 1585 1590
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1595 1600 1605
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1610 1615 1620
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1625 1630 1635

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1640 1645 1650
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1655 1660 1665
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1670 1675 1680
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
1685 1690 1695

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1700 1705 1710
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1715 1720 1725
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1730 1735 1740
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
1745 1750 1755

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1760 1765 1770

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1775 1780 1785

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1790 1795 1800

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1805 1810 1815

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1820 1825 1830

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1835 1840 1845

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala

1850 1855 1860

Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1865 1870 1875

Thr Gly His His His His His His

1880 1885

<210> 1142

<211> 5661

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1142

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca cccggatcgg gtacagcgtc atcgagcccc 2280

ggtgcgtcac ctggtacgtc gagcacgggg tcgccagggg cgtcccctgg gacgtcctca 2340

acaggctcgc ccggtgcgtc acccggcacg tcgtccacgg gttcacctgg tagctcccct 2400
tccgcgtcca ctggcaccgg gcctggaact ccggggagcg gcacagcgag ctcgtcgccg 2460
ggagcatcgc ctgggacatc gagcaccggg tcgccaggag catcgcccgg aacatccagc 2520
acaggaagcc ccggcgcgtc gcccgggaca tcaagcacag gttccccggg atcgagcacg 2580
ccgtccggag ccactggatc accagggagc tcgacacctt ccggcgcaac gggatcgccc 2640
ggagccagcc cgggtacgtc aagcactggc tcccctgcct cgagctcaga tcaagaggaa 2700
atcgattatg atgataccat atcagttgaa atgaagaagg aagattttga catttatgat 2760

gaggatgaaa atcagagccc ccgcagcttt caaaagaaaa cacgacacta ttttattgct 2820
gcagtggaga ggctctggga ttatgggatg agtagctccc cacatgttct aagaaacagg 2880
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 2940
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3000
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 3060
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 3120
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 3180

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 3240
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 3300
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 3360
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 3420
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 3480
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 3540
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 3600

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 3660
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 3720
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 3780
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 3840
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 3900
tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 3960
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4020

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 4080

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 4140

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 4200

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 4260

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 4320

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 4380

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 4440

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 4500

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 4560

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 4620

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 4680

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 4740

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 4800

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 4860

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 4920

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 4980

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 5040

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 5100

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 5160

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 5220

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 5280

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 5340

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 5400

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 5460

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 5520

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 5580

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 5640

catcatcacc atcaccattg a 5661

<210> 1143

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1143

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

```
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                 1210                 1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                 1225                 1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                 1240                 1245

Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                 1255                 1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                 1270                 1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                 1285                 1290
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                 1300                 1305

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1310                 1315                 1320
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                 1330                 1335
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                 1345                 1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                 1360                 1365

Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                 1375                 1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                 1390                 1395
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                 1405                 1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                 1420                 1425

Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
```

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1144

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1144

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340
cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1145

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1145

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
405 410 415
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1700 1705 1710
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1715 1720 1725
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1730 1735 1740
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1760 1765 1770
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1775 1780 1785
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1146

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1146

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220
ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280
gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700
gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1147
<211> 1619
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1147
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro

405 410 415

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

420 425 430

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

435 440 445

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

450 455 460

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

465 470 475 480

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

500 505 510

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
515 520 525
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
530 535 540
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065

Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1145                1150                1155
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1160                1165                1170
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1175                1180                1185

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1190                1195                1200
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1205                1210                1215
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1220                1225                1230
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1235 1240 1245

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1250 1255 1260
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1265 1270 1275
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1280 1285 1290
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1295 1300 1305

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1310 1315 1320
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1325 1330 1335
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1340 1345 1350
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1355 1360 1365

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1370 1375 1380
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1385 1390 1395
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1400 1405 1410
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1415 1420 1425

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1430 1435 1440
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1445 1450 1455
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1460 1465 1470

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1475 1480 1485

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1490 1495 1500
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1505 1510 1515
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1520 1525 1530
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1535 1540 1545

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1550 1555 1560
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1565 1570 1575
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro
1580 1585 1590
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1595 1600 1605

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1610 1615

<210> 1148

<211> 4860

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1148

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca 1260

actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc 1320

agcgccagca ctggaacagg tcctggcact cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg 1380

ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact 1440

ggaacggggc caggggcctc acccggaacg tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga 1500

tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg 1560

ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc 1620

acggggtccc ctggagcgtc accggggacc tcctcgacag gtagcccggc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 3480

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 3540

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 3600

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 3660

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 3720

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 3780

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 3840

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 3900

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 3960

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4020

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4080
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 4140
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 4200
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 4260
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 4320
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 4380
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 4440

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 4500
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 4560
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 4620
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 4680
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 4740
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa 4800
aaactcatct cagaagagga tctgtcacct gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 4860

<210> 1149
<211> 2203
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1149

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

1055 1060 1065

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1070 1075 1080
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1085 1090 1095
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1100 1105 1110
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1115 1120 1125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1130 1135 1140
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1145 1150 1155
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1160 1165 1170
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1190 1195 1200
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1205 1210 1215
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1220 1225 1230
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1250 1255 1260
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1265 1270 1275
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1310 1315 1320
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1325 1330 1335
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1340 1345 1350
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1370 1375 1380
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1385 1390 1395
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1400 1405 1410
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1430 1435 1440
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1150

<211> 6612

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1150

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1151

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1151

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1152

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1152

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1153

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1153

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

```
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
    930                 935                 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945                 950                 955                 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
                965                 970                 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
            980                 985                 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg  Gly Met Thr Ala Leu  Leu Lys Val
        995                 1000                1005
Ser Ser  Cys Asp Lys Asn Thr  Gly Asp Tyr Tyr Glu  Asp Ser Tyr
    1010                1015                1020
Glu Asp  Ile Ser Ala Tyr Leu  Leu Ser Lys Asn Asn  Ala Ile Glu
    1025                1030                1035
Pro Arg  Ser Phe Ser Gln Asn  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050

Arg Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1085                1090                1095
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp
    1100                1105                1110

Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                1120                1125
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
```

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1310 1315 1320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1325 1330 1335
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1385 1390 1395

```
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1400                 1405                 1410

Thr Glu  Glu Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1415                 1420                 1425
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser
    1430                 1435                 1440
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1154

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1154

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140

ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200

agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260

ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320

ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1155

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1155

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

```
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                1570                1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                1585                1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                1600                1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                1615                1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                1630                1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                1645                1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                1660                1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                1675                1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                1690                1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                1705                1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                1720                1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                1735                1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                1750                1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                1765                1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                1780                1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
```

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1156
<211> 6621
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1156
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820
gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880
ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940
ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000
gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060
ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120
tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1157

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1157

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

```
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
        35                  40                  45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
    50                  55                  60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65                  70                  75                  80
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
            100                 105                 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
        115                 120                 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
    130                 135                 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145                 150                 155                 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
```

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1158

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1158

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960
ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080
agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140
ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200
agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260
ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320
ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1159

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1159

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

```
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
```

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1310 1315 1320
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1340 1345 1350

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1355 1360 1365
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1370 1375 1380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1400 1405 1410

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1415 1420 1425

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1430 1435 1440

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1445 1450 1455

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

```
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
```

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1160

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1160

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120
acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180
cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300
agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360
gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420
cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480
agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctccccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1161

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1161

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

1055 1060 1065

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1085 1090 1095

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1100 1105 1110

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1115 1120 1125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1130 1135 1140
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1145 1150 1155
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1160 1165 1170

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1175 1180 1185
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1190 1195 1200
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1205 1210 1215
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1235 1240 1245
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1250 1255 1260
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1265 1270 1275
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1295 1300 1305
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1310 1315 1320
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1325 1330 1335
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1355 1360 1365
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1370 1375 1380
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1385 1390 1395
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1415 1420 1425
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1430 1435 1440
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1445 1450 1455
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1460 1465 1470

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1475 1480 1485
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1490 1495 1500
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1505 1510 1515
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1520 1525 1530

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1535 1540 1545
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1550 1555 1560
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1565 1570 1575

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1580 1585 1590

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1595 1600 1605
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1610 1615 1620
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1625 1630 1635
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1655 1660 1665
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1670 1675 1680
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1685 1690 1695
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1715 1720 1725
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1730 1735 1740
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1745 1750 1755
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1775 1780 1785
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1790 1795 1800
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2045 2050 2055
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2075 2080 2085
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2090 2095 2100
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2105 2110 2115
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
2120 2125 2130

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2135 2140 2145
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2150 2155 2160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2165 2170 2175
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2180 2185 2190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2195 2200 2205
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2210 2215 2220
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2225 2230 2235
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2240 2245 2250

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2255 2260 2265
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2270 2275 2280

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2285 2290 2295

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2300 2305 2310

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2315 2320 2325

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2330 2335 2340

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2345 2350 2355

<210> 1162

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1162

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 3840

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3900

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3960

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4020

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4080

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4140

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4200

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4260

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 4320

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 4380

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 4440

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 4500

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 4560

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 4620

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 4680

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 4740

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 4800

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360
ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420
gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480
gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540
ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600
ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660
gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780
ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840
ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900
gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960
ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020
tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1163

<211> 2353

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1163

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

1055 1060 1065

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1085 1090 1095

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1100 1105 1110

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

1115 1120 1125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1130 1135 1140

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1145 1150 1155

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1160 1165 1170

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1445 1450 1455

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1460 1465 1470

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1475 1480 1485

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1490 1495 1500

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1505 1510 1515

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1520 1525 1530

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1535 1540 1545

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1550 1555 1560

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1565 1570 1575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1595 1600 1605

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1610 1615 1620

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1625 1630 1635

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1640 1645 1650

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1655 1660 1665

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1670 1675 1680

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1685 1690 1695

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1700 1705 1710

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1715 1720 1725

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1730 1735 1740

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1745 1750 1755

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1760 1765 1770

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1775 1780 1785

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1790 1795 1800

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1805 1810 1815

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1820 1825 1830

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1835 1840 1845

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1850 1855 1860

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1865 1870 1875

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1880 1885 1890

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1895 1900 1905

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1910 1915 1920

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1925 1930 1935

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1940 1945 1950

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1955 1960 1965

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1970 1975 1980

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1985 1990 1995

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

2000 2005 2010

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

2015 2020 2025

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2045 2050 2055

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2075 2080 2085

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2090 2095 2100

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

2105 2110 2115

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2120 2125 2130

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2135 2140 2145

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2150 2155 2160

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2165 2170 2175

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2180 2185 2190

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2195 2200 2205

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2210 2215 2220

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2225 2230 2235

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2240 2245 2250

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2255 2260 2265

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2270 2275 2280

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2285 2290 2295

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2300 2305 2310

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2315 2320 2325

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2330 2335 2340

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2345 2350

<210> 1164

<211> 7062

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1164

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240
cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300
cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360
actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420
cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480
cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600
ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 4380

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 4440

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 4500

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 4560

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 4620

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 4680

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 4740

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 4800

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 4860

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4920

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4980

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 5040

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 5100

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 5160

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 5220

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 5280

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 5340

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 5400

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 5460

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 5520

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 5580

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 5640

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 5700

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 5760

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 5820

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 5880

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5940

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 6000

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 6060

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 6120

ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 6180

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 6240

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 6300

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 6360

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 6420

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 6480

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 6540

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 6600

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 6660

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 6720

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 6780

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 6840

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6900

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6960

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 7020

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 7062

<210> 1165

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1165

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

```
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1250                 1255                 1260
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1265                 1270                 1275

Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335

Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                 1390                 1395

Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                 1405                 1410
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1415                 1420                 1425
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1430                 1435                 1440
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1445                 1450                 1455

Arg Gly  Ala Pro Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1460                 1465                 1470
Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
```

1475 1480 1485

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1505 1510 1515

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1535 1540 1545

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1565 1570 1575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1595 1600 1605

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1715 1720 1725
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1730 1735 1740
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1760 1765 1770
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1775 1780 1785
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1790 1795 1800
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1820 1825 1830
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1835 1840 1845
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1850 1855 1860
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1880 1885 1890
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1895 1900 1905
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1910 1915 1920
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2045 2050 2055

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2075 2080 2085

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2090 2095 2100

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

2120 2125 2130

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2135 2140 2145

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2150 2155 2160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2165 2170 2175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2180 2185 2190
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2195 2200 2205
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2210 2215 2220
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2225 2230 2235

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2240 2245 2250
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2255 2260 2265
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2270 2275 2280
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2285 2290 2295

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2300 2305 2310
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2315 2320 2325
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2330 2335 2340
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2345 2350 2355

<210>
1166

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1166

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040
gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380

gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctccccccac atcaacagag 4740

gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800

gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1167

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1167

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1460 1465 1470

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1475 1480 1485

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1505 1510 1515

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1535 1540 1545

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1565 1570 1575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1595 1600 1605

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2045 2050 2055

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2075 2080 2085

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2090 2095 2100

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

2120 2125 2130

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2135 2140 2145

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2150 2155 2160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2165 2170 2175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2180 2185 2190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2195 2200 2205

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2210 2215 2220

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2225 2230 2235

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2240 2245 2250

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2255 2260 2265

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2270 2275 2280

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2285 2290 2295

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2300 2305 2310

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2315 2320 2325

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2330 2335 2340

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2345 2350 2355

<210> 1168

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1168

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380
gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440
ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500
ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560
ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620
cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctccccccac atcaacagag 4740
gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800
gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1169

<211> 2506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1169

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
1055 1060 1065
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1085 1090 1095
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1100 1105 1110
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1115 1120 1125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1130 1135 1140

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1145 1150 1155
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1160 1165 1170

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1295 1300 1305

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1310 1315 1320

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1325 1330 1335

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1355 1360 1365

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1370 1375 1380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1385 1390 1395

```
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1400                 1405                 1410
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1415                 1420                 1425
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1430                 1435                 1440

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1445                 1450                 1455
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1460                 1465                 1470
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1475                 1480                 1485
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1490                 1495                 1500

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1505                 1510                 1515
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1520                 1525                 1530
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1535                 1540                 1545
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1550                 1555                 1560

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1565                 1570                 1575
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1580                 1585                 1590
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1595                 1600                 1605
Arg Gly  Ala Pro Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1610                 1615                 1620

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
```

1625 1630 1635

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1640 1645 1650

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1655 1660 1665

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1670 1675 1680

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1685 1690 1695

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1700 1705 1710

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1715 1720 1725

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1730 1735 1740

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1745 1750 1755

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1760 1765 1770

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1775 1780 1785

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1790 1795 1800

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1805 1810 1815

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1820 1825 1830

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1835 1840 1845

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1850 1855 1860

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1865 1870 1875

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1880 1885 1890

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1895 1900 1905

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1910 1915 1920

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1925 1930 1935

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1940 1945 1950

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1955 1960 1965

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1970 1975 1980

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1985 1990 1995

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
2000 2005 2010

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
2015 2020 2025

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
2030 2035 2040

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
2045 2050 2055

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
2060 2065 2070

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
2075 2080 2085

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

2090 2095 2100

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
2105 2110 2115
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
2120 2125 2130
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
2135 2140 2145
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2150 2155 2160

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2165 2170 2175
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2180 2185 2190
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2195 2200 2205
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2210 2215 2220

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2225 2230 2235
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2240 2245 2250
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2255 2260 2265
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
2270 2275 2280

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2285 2290 2295
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2300 2305 2310
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2315 2320 2325

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2330 2335 2340

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2345 2350 2355
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2360 2365 2370
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2375 2380 2385
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2390 2395 2400

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2405 2410 2415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2420 2425 2430
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2435 2440 2445
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2450 2455 2460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2465 2470 2475
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2480 2485 2490
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2495 2500 2505

<210> 1170
<211> 7521
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1170

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 3840
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3900
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3960
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4020
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4080
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4140
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4200

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4260
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 4320
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 4380
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 4440
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 4500
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 4560
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 4620

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 4680
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 4740
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 4800
actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 4860
tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4920
gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4980
acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 5040

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 5100
tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 5160
tcaccagcag gctccccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 5220
agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 5280
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 5340
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 5400
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 5460

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 5520

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 5580

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 5640

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 5700

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 5760

tggagcacca aggagcccttt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 5820

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 5880

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5940

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 6000

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 6060

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 6120

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 6180

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 6240

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 6300

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 6360

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 6420

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 6480

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 6540

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 6600

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 6660

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 6720

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 6780

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 6840

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6900

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6960

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 7020

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 7080

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 7140

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 7200

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 7260

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 7320

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 7380

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 7440

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 7500

catcatcacc atcaccattg a 7521

<210> 1171

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1171

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser
1040 1045 1050
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1070 1075 1080
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1085 1090 1095
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1100 1105 1110
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1130 1135 1140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1295 1300 1305

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1310 1315 1320

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1325 1330 1335

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1355 1360 1365

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1370 1375 1380

```
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1385                 1390                 1395
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1400                 1405                 1410
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1415                 1420                 1425

Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1430                 1435                 1440
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1445                 1450                 1455
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1460                 1465                 1470
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1475                 1480                 1485

Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1490                 1495                 1500
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1505                 1510                 1515
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1520                 1525                 1530
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1535                 1540                 1545

Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1550                 1555                 1560
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1565                 1570                 1575
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1580                 1585                 1590
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1595                 1600                 1605

Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
```

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

```
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1850                 1855                 1860
His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1865                 1870                 1875
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1880                 1885                 1890
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1895                 1900                 1905

Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1910                 1915                 1920
Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1925                 1930                 1935
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1940                 1945                 1950
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1955                 1960                 1965

Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1970                 1975                 1980
Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1985                 1990                 1995
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    2000                 2005                 2010
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    2015                 2020                 2025

Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
    2030                 2035                 2040
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    2045                 2050                 2055
Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    2060                 2065                 2070
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
```

2075 2080 2085

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2090 2095 2100
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2105 2110 2115
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
2120 2125 2130
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2135 2140 2145

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2150 2155 2160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2165 2170 2175
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2180 2185 2190
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2195 2200 2205

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2210 2215 2220
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2225 2230 2235
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2240 2245 2250
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2255 2260 2265

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2270 2275 2280
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2285 2290 2295
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2300 2305 2310

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2315 2320 2325

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2330 2335 2340
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2345 2350 2355

<210> 1172

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1172

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 3840

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3900

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3960

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4020

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4080

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4140

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4200

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4260

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 4320

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 4380

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 4440

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 4500

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 4560

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 4620

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 4680

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 4740

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 4800
actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280
agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460
tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640
aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700
gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760
ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820
gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880
cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940
actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120
tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180
gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240
gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300
gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360
ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1173

<211> 2353

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1173

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1445 1450 1455

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1460 1465 1470

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1475 1480 1485

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1490 1495 1500

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1505 1510 1515

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1520 1525 1530

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1535 1540 1545

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1550 1555 1560

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1565 1570 1575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1595 1600 1605

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1610 1615 1620

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1625 1630 1635

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1640 1645 1650

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1655 1660 1665

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1670 1675 1680

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1685 1690 1695

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1700 1705 1710

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1715 1720 1725

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1730 1735 1740

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1745 1750 1755

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1760 1765 1770

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1775 1780 1785

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1790 1795 1800

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1805 1810 1815

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1820 1825 1830

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1835 1840 1845

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1850 1855 1860

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1865 1870 1875

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1880 1885 1890

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1895 1900 1905

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1910 1915 1920

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1925 1930 1935

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1940 1945 1950

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1955 1960 1965

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1970 1975 1980

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1985 1990 1995

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

2000 2005 2010

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

2015 2020 2025

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2045 2050 2055

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2075 2080 2085

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2090 2095 2100

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

2105 2110 2115

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2120 2125 2130

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2135 2140 2145

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2150 2155 2160

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2165 2170 2175

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2180 2185 2190

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2195 2200 2205

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2210 2215 2220

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2225 2230 2235

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2240 2245 2250

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2255 2260 2265

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2270 2275 2280

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2285 2290 2295

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2300 2305 2310

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2315 2320 2325

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2330 2335 2340

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2345 2350

<210> 1174

<211> 7062

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1174

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 4380

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 4440

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 4500

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 4560

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 4620

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 4680

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 4740

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 4800

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 4860

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4920

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4980

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 5040

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 5100

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 5160

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 5220

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 5280

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 5340

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 5400

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 5460

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 5520

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 5580

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 5640

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 5700

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 5760

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 5820

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 5880

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5940

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 6000

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 6060

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 6120

ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 6180

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 6240
cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 6300
ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 6360
actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 6420
cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 6480
cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 6540
acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 6600

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 6660
cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 6720
ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 6780
gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 6840
cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6900
ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6960
accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 7020

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 7062

<210> 1175

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1175

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1176

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1176

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760
cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140

ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200

agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260

ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320

ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1177

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1177

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1460 1465 1470

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1475 1480 1485

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1505 1510 1515

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1535 1540 1545

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1565 1570 1575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1595 1600 1605

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2045 2050 2055

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2075 2080 2085

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2090 2095 2100

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

2120 2125 2130

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2135 2140 2145

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2150 2155 2160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2165 2170 2175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2180 2185 2190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2195 2200 2205

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2210 2215 2220

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2225 2230 2235

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2240 2245 2250

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2255 2260 2265

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2270 2275 2280

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2285 2290 2295

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2300 2305 2310

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2315 2320 2325

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2330 2335 2340

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2345 2350 2355

<210> 1178

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1178

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020
ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380
gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440
ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500
ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560
ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620
cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctccccccac atcaacagag 4740
gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800
gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040
aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1179

<211> 2506

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1179

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser
1040 1045 1050
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1055 1060 1065
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1085 1090 1095
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1100 1105 1110
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1115 1120 1125
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1145 1150 1155
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1280 1285 1290

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1295 1300 1305

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1310 1315 1320

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1325 1330 1335

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1355 1360 1365

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1370 1375 1380

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1385 1390 1395

```
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1400                 1405                 1410
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1415                 1420                 1425
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1430                 1435                 1440

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1445                 1450                 1455
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1460                 1465                 1470
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1475                 1480                 1485
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1490                 1495                 1500

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1505                 1510                 1515
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1520                 1525                 1530
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1535                 1540                 1545
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1550                 1555                 1560

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1565                 1570                 1575
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1580                 1585                 1590
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1595                 1600                 1605
Arg Gly  Ala Pro Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1610                 1615                 1620

Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
```

1625 1630 1635

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1640 1645 1650

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1655 1660 1665

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1670 1675 1680

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1685 1690 1695

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1700 1705 1710

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1715 1720 1725

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1730 1735 1740

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1745 1750 1755

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1760 1765 1770

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1775 1780 1785

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1790 1795 1800

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1805 1810 1815

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1820 1825 1830

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1835 1840 1845

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1850 1855 1860

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1865 1870 1875

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1880 1885 1890

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1895 1900 1905

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1910 1915 1920

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1925 1930 1935

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1940 1945 1950

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1955 1960 1965

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1970 1975 1980

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1985 1990 1995

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
2000 2005 2010

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
2015 2020 2025

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
2030 2035 2040

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
2045 2050 2055

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
2060 2065 2070

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
2075 2080 2085

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

2090 2095 2100

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
2105 2110 2115
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
2120 2125 2130
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
2135 2140 2145
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2150 2155 2160

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2165 2170 2175
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2180 2185 2190
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2195 2200 2205
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2210 2215 2220

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2225 2230 2235
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2240 2245 2250
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2255 2260 2265
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
2270 2275 2280

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2285 2290 2295
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2300 2305 2310
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2315 2320 2325

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2330 2335 2340

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2345 2350 2355
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2360 2365 2370
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2375 2380 2385
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2390 2395 2400

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2405 2410 2415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2420 2425 2430
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2435 2440 2445
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2450 2455 2460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2465 2470 2475
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2480 2485 2490
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2495 2500 2505

<210> 1180
<211> 7521
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1180

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 3840
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3900
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3960
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4020
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4080
tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4140
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4200

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4260
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 4320
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 4380
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 4440
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 4500
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 4560
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 4620

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 4680
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 4740
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 4800
actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 4860
tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4920
gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4980
acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 5040

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 5100
tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 5160
tcaccagcag gctccccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 5220
agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 5280
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 5340
aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 5400
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 5460

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 5520

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 5580

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 5640

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 5700

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 5760

tggagcacca aggagcccttt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 5820

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 5880

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5940

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 6000

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 6060

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 6120

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 6180

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 6240

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 6300

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 6360

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 6420

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 6480

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 6540

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 6600

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 6660

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 6720

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 6780

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 6840

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6900

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6960

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 7020

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 7080

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 7140

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 7200

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 7260

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 7320

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 7380

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 7440

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 7500

catcatcacc atcaccattg a 7521

<210> 1181

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1181

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1385 1390 1395
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1400 1405 1410
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1182

<211> 6612

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1182

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140
ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200
agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260
ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320
ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1183

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1183

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1460 1465 1470

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1475 1480 1485

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1505 1510 1515

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1535 1540 1545

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1565 1570 1575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1595 1600 1605

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1835 1840 1845

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1850 1855 1860

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1865 1870 1875

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1895 1900 1905

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1910 1915 1920

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1925 1930 1935

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1955 1960 1965

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1970 1975 1980

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1985 1990 1995

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2015 2020 2025

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2030 2035 2040

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2045 2050 2055

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2075 2080 2085

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2090 2095 2100

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

2120 2125 2130

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2135 2140 2145

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2150 2155 2160

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2165 2170 2175

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2180 2185 2190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2195 2200 2205

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2210 2215 2220

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2225 2230 2235

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2240 2245 2250

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2255 2260 2265

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2270 2275 2280

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2285 2290 2295

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2300 2305 2310

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2315 2320 2325

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2330 2335 2340

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2345 2350 2355

<210> 1184

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1184

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260
gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380
ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440
gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500
cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560
gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380

gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680

gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctccccccac atcaacagag 4740

gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800

gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000
cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120
tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180
gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240
gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300
gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420
gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480
gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540
ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600
ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660
gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720
gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840
ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900
gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960
ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020
tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1185

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1185

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

```
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr
    1025                 1030                 1035
Gly Thr  Gly Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1040                 1045                 1050
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1055                 1060                 1065
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1070                 1075                 1080

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1085                 1090                 1095
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1100                 1105                 1110
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1115                 1120                 1125
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1130                 1135                 1140

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1145                 1150                 1155
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1160                 1165                 1170
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1175                 1180                 1185
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1190                 1195                 1200

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1205                 1210                 1215
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1220                 1225                 1230
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1235                 1240                 1245
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
```

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1310 1315 1320

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1340 1345 1350
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1355 1360 1365
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1370 1375 1380

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1400 1405 1410
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1415 1420 1425
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1430 1435 1440

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1445 1450 1455
Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485

```
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                 1495                 1500

Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1505                 1510                 1515
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1520                 1525                 1530
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1535                 1540                 1545
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1550                 1555                 1560

His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                 1570                 1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                 1585                 1590
Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                 1600                 1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                 1615                 1620

Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                 1630                 1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                 1645                 1650
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680

Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710
His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
```

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1186

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1186

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280
acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700
acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120
tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540
gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600
catcatcacc atcaccattg a 6621
<210> 1187
<211> 2203
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1187

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro

1055 1060 1065

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1070 1075 1080

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1085 1090 1095

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1100 1105 1110

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

1115 1120 1125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1130 1135 1140

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1145 1150 1155

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1160 1165 1170

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1175 1180 1185

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1188

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1188

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 3240

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 3300

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 3360

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 3420

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 3480

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 3540

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 3600

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1189

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1189

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1190

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220

><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1190

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600
agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1191

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1191

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

```
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
    50                  55                  60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65                  70                  75                  80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
                85                  90                  95
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
            100                 105                 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
        115                 120                 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
    130                 135                 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145                 150                 155                 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
                165                 170                 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
```

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
565 570 575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
580 585 590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
595 600 605
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
625 630 635 640
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
645 650 655
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
660 665 670
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp
690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

```
Pro Arg  Ser Phe Ser Gln Asn  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050
Arg Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065

Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1085                1090                1095
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp
    1100                1105                1110
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                1120                1125

Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185

Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245

Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
```

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1310 1315 1320

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1325 1330 1335

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1415 1420 1425

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1430 1435 1440

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1192

<211> 6612

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1192

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960
ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020
gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140
ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200
agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260
ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320
ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1193

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1193

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1194

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1194

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1195

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1195

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

995 1000 1005

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1025 1030 1035

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1310 1315 1320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1325 1330 1335
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1385 1390 1395
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1196
<211> 6612
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1196
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260
gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320
ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380
ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440
gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560
gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140

ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200

agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260

ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320

ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1197

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1197

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1310 1315 1320
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1340 1345 1350

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1355 1360 1365
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1370 1375 1380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1400 1405 1410

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1415 1420 1425
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1430 1435 1440
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1445 1450 1455
Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1805 1810 1815
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1198

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1198

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560
gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1199

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1199

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro
755 760 765

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
770 775 780

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
785 790 795 800

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
805 810 815

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
820 825 830

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
835 840 845

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
865 870 875 880

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
885 890 895

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1310 1315 1320
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1340 1345 1350

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1355 1360 1365
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1370 1375 1380
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1400 1405 1410

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1415 1420 1425
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1430 1435 1440

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1445 1450 1455

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

```
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
    1880                 1885                 1890

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
```

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1200

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1200

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca 2340

cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg 2400

cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc 2460

actggcaccg ggcctggaac tccggggagc ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg 2520

cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc 2580

cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga 2640

gccactggat caccagggag ctcgacacct tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc 2700

ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc tcgagctcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag 3960

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 4020

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 4080

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 4140

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 4200

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 4260

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 4320

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1201

<211> 2356

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1201

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1430 1435 1440
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1445 1450 1455
Arg Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1460 1465 1470

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1475 1480 1485
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1490 1495 1500
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1505 1510 1515
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1520 1525 1530

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1535 1540 1545
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1550 1555 1560
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1565 1570 1575
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1595 1600 1605

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1610 1615 1620

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1625 1630 1635

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1640 1645 1650

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1655 1660 1665

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1670 1675 1680

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1685 1690 1695

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1700 1705 1710

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1715 1720 1725

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1730 1735 1740

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1745 1750 1755

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1760 1765 1770

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1775 1780 1785

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1790 1795 1800

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1805 1810 1815

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1820 1825 1830

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1835 1840 1845
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1850 1855 1860
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1865 1870 1875
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1880 1885 1890

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1895 1900 1905
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1910 1915 1920
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1925 1930 1935
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1940 1945 1950

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1955 1960 1965
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1970 1975 1980
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1985 1990 1995
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
2000 2005 2010

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
2015 2020 2025
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2030 2035 2040
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2045 2050 2055
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2075 2080 2085
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2090 2095 2100
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2105 2110 2115
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
2120 2125 2130

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2135 2140 2145
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2150 2155 2160
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2165 2170 2175
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2180 2185 2190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2195 2200 2205
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2210 2215 2220
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2225 2230 2235
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2240 2245 2250

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2255 2260 2265
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2270 2275 2280
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2285 2290 2295

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2300 2305 2310

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2315 2320 2325
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2330 2335 2340
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2345 2350 2355

<210> 1202

<211> 7071

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1202

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc 4380

gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 4440

ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 4500

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 4560

ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 4620

cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 4680
gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctcccccac atcaacagag 4740
gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 4800
gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcgct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 4860
tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4920
ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4980
aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 5040

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 5100
aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 5160
acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 5220
attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 5280
agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 5340
aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 5400
aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 5460

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 5520
tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 5580
cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 5640
aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 5700
gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 5760
ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 5820
gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 5880

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5940
actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 6000
cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 6060
agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 6120
tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 6180
gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 6240
gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 6300

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 6360

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 6420

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 6480

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 6540

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 6600

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 6660

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 6720

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 6780

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 6840

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6900

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6960

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 7020

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 7071

<210> 1203

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1203

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

```
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
            100                 105                 110
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

        115                 120                 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
    130                 135                 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145                 150                 155                 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
                165                 170                 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
```

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1204

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1204

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1205

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1205

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser

20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1206

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1206

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1207

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1207

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

```
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1175                1180                1185
Ser Ala  Pro Gly Ala Ser Ser  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln

    1190                1195                1200
Ala Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1205                1210                1215
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1220                1225                1230
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1235                1240                1245
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp

    1250                1255                1260
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1265                1270                1275
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1280                1285                1290
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1295                1300                1305
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val

    1310                1315                1320
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1325                1330                1335
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1340                1345                1350
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1355                1360                1365
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys

    1370                1375                1380
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1385                1390                1395
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
```

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1208

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1208

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1209

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1209

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

545 550 555 560

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

565 570 575

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

580 585 590

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

595 600 605

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

610 615 620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

625 630 635 640

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

645 650 655

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

675 680 685

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1210

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1210

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag 1680

ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt 1740

acatctaccg aaccaagtga aggttcagca ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc 1800

tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa 1860

ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga 1920

tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga 1980

tcagccccag gcaccagcac ggagccctct gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc 2040

gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1211

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1211

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro

545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

565 570 575

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

580 585 590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

595 600 605

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

610 615 620

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

660 665 670

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

```
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1265                 1270                 1275
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1280                 1285                 1290
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1295                 1300                 1305
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val

    1310                 1315                 1320
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1325                 1330                 1335
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1340                 1345                 1350
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1355                 1360                 1365
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys

    1370                 1375                 1380
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1385                 1390                 1395
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1400                 1405                 1410
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1415                 1420                 1425
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys

    1430                 1435                 1440
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
```

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1212

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1212

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612
<210> 1213
<211> 2203
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1213

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

565 570 575
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
580 585 590
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
595 600 605
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
610 615 620
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
645 650 655
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
660 665 670
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
675 680 685
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp

690 695 700
Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1214

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1214

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1215

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1215

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro
545 550 555 560
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

565 570 575
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
580 585 590
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
595 600 605
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
610 615 620
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

660 665 670

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

```
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1355                 1360                 1365
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys


    1370                 1375                 1380
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1385                 1390                 1395
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1400                 1405                 1410
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1415                 1420                 1425
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys


    1430                 1435                 1440
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met


    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His


    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
```

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1216

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1216

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680

ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740

ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800

tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860

tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980

actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040

gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100

gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1217

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1217

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly

545 550 555 560

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

565 570 575

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

580 585 590

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

595 600 605

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

610 615 620

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

625 630 635 640

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

645 650 655

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

660 665 670

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

675 680 685

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

690 695 700

Pro Gly Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1218

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1218

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1740

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1800

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1860

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1920

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1980

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 2040

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 2100

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1219

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1219

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly
545 550 555 560
Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

565 570 575
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
580 585 590
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
595 600 605
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
610 615 620
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

625 630 635 640
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
645 650 655
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
660 665 670
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
675 680 685
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

690 695 700
Pro Gly Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1220

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1220

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1740

acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1800

acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1860

cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1920

ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1980

accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 2040

cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 2100

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1221

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1221

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly
545 550 555 560
Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

565 570 575
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
580 585 590
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
595 600 605
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
610 615 620
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

625 630 635 640
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

645 650 655

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

660 665 670

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

675 680 685

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

690 695 700

Pro Gly Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005
Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020
Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035
Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser
1040 1045 1050
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1055 1060 1065
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1085 1090 1095
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1100 1105 1110
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1115 1120 1125
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1222

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1222

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480
cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660
ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080
gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500
actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1740
acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1800
acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1860
cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1920
ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1980
accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 2040
cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 2100

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1223

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1223

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly

545 550 555 560

Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

565 570 575

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

580 585 590

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

595 600 605

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

610 615 620

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

625 630 635 640

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

645 650 655

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

660 665 670

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

675 680 685

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

690 695 700

Pro Gly Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1224

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1224

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg 1740
acttctaccg aagagggtac atctaccgaa ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca 1800
acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg 1860
cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc 1920
ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc 1980
accgagccct ccgaaggatc agccccaggc accagcacgg agccctctga gggaagcgca 2040
cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc 2100

ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1225

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1225

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly

545 550 555 560

Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

565 570 575

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

580 585 590

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

595 600 605

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

610 615 620

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

625 630 635 640

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

645 650 655

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

660 665 670

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

675 680 685

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

690 695 700

Ser Pro Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1226

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1226

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc 1740

tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc agcgccagca ctggaacagg tcctggcact 1800

cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga 1860

tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact ggaacggggc caggggcctc acccggaacg 1920

tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc 1980

tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg 2040

tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc acggggtccc ctggagcgtc accggggacc 2100

tcctcgacag gtagcccggc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1227

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1227

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly

545 550 555 560

Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

565 570 575

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

580 585 590

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

595 600 605

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

610 615 620

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

625 630 635 640

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

645 650 655

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

660 665 670

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

675 680 685

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

690 695 700

Ser Pro Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr

805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn

850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser

915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala

930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

```
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1160                1165                1170
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1175                1180                1185
Ser Ala  Pro Gly Ala Ser Ser  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln

    1190                1195                1200
Ala Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1205                1210                1215
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1220                1225                1230
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1235                1240                1245
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp

    1250                1255                1260
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1265                1270                1275
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1280                1285                1290
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1295                1300                1305
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val

    1310                1315                1320
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1325                1330                1335
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1340                1345                1350
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1355                1360                1365
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys

    1370                1375                1380
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
```

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1228

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1228

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc 1740

tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc agcgccagca ctggaacagg tcctggcact 1800

cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga 1860

tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact ggaacggggc caggggcctc acccggaacg 1920

tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc 1980

tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg 2040

tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc acggggtccc ctggagcgtc accggggacc 2100

tcctcgacag gtagcccggc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440
ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860
aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280
ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1229

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1229

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

```
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
            100                 105                 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

        115                 120                 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
    130                 135                 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145                 150                 155                 160
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
```

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly

545 550 555 560

Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

565 570 575

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

580 585 590

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
595 600 605
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
610 615 620
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

625 630 635 640
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
645 650 655
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
660 665 670
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
675 680 685
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

690 695 700
Ser Pro Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720
Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735
Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750
Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765
Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780
Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800
Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815
Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr

820 825 830
Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

```
        835                 840                 845
Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
    850                 855                 860
Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865                 870                 875                 880
Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

                885                 890                 895
Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
            900                 905                 910
Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
        915                 920                 925
Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
    930                 935                 940
Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His

945                 950                 955                 960
Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
                965                 970                 975
Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
            980                 985                 990
His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg  Gly Met Thr Ala Leu  Leu Lys Val
        995                 1000                1005
Ser Ser  Cys Asp Lys Asn Thr  Gly Asp Tyr Tyr Glu  Asp Ser Tyr

    1010                1015                1020
Glu Asp  Ile Ser Ala Tyr Leu  Leu Ser Lys Asn Asn  Ala Ile Glu
    1025                1030                1035
Pro Arg  Ser Phe Ser Gln Asn  Gly Ala Pro Ser Pro  Ala Gly Ser
    1040                1045                1050
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1055                1060                1065
Ser Gly  Pro Gly Ser Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro

    1070                1075                1080
```

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1205 1210 1215

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1235 1240 1245

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1250 1255 1260

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1265 1270 1275

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1295 1300 1305

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1310 1315 1320

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1325 1330 1335

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1355 1360 1365

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1370 1375 1380

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1385 1390 1395

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1415 1420 1425

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1230

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1230

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc 1740

tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc agcgccagca ctggaacagg tcctggcact 1800

cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga 1860

tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact ggaacggggc caggggcctc acccggaacg 1920

tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc 1980

tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg 2040

tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc acggggtccc ctggagcgtc accggggacc 2100

tcctcgacag gtagcccggc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700
tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120
ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540
tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1231

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1231

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser

35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

```
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860
Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945                 950                 955                 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                965                 970                 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            980                 985                 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
        995                 1000                1005
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
```

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1130 1135 1140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1160 1165 1170

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1175 1180 1185

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1190 1195 1200

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1205 1210 1215

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1220 1225 1230

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1235 1240 1245

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1250 1255 1260

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1232

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220

><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1232

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3420

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1233

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1233

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

```
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
```

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1130 1135 1140
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1145 1150 1155
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1160 1165 1170
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1175 1180 1185

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1190 1195 1200
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1205 1210 1215
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1220 1225 1230
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1235 1240 1245

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1250 1255 1260
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1325 1330 1335
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1340 1345 1350
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1430 1435 1440
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1445 1450 1455
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1580 1585 1590
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1625 1630 1635
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210>

1234

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1234

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact actttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3420

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540
gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1235
<211> 2206
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1235

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

35 40 45
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

100 105 110
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480
Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540
Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1130 1135 1140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1160 1165 1170

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1175 1180 1185

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1190 1195 1200

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1205 1210 1215

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1220 1225 1230

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1235 1240 1245

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1250 1255 1260

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1236

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1236

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3420
tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480
gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540
acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctccccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1237

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1237

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

```
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
        35                  40                  45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
    50                  55                  60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65                  70                  75                  80
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
                85                  90                  95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
            100                 105                 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
        115                 120                 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
    130                 135                 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145                 150                 155                 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
```

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1130 1135 1140
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1145 1150 1155
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1160 1165 1170

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1175 1180 1185
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1190 1195 1200
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1205 1210 1215
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1220 1225 1230

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1235 1240 1245
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1250 1255 1260

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala

1370 1375 1380

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1385 1390 1395

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

```
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                 1495                 1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1505                 1510                 1515
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1535                 1540                 1545
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1550                 1555                 1560
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                 1570                 1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                 1585                 1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                 1600                 1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                 1615                 1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                 1630                 1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                 1645                 1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
```

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1238

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1238

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3420

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1239

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1239

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

```
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
```

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

```
Gly Thr  Gly Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1190                 1195                 1200
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1205                 1210                 1215
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1220                 1225                 1230

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1235                 1240                 1245
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1250                 1255                 1260
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1265                 1270                 1275
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                 1390                 1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                 1405                 1410

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
```

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

```
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
```

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1240

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1240

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120
acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180
cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300
agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360
gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420
cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480
agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1241

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1241

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

```
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
    130                 135                 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145                 150                 155                 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
                165                 170                 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
            180                 185                 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
        195                 200                 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
    210                 215                 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
```

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1325 1330 1335
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1355 1360 1365
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1430 1435 1440
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1445 1450 1455
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1625 1630 1635
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1655 1660 1665
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1670 1675 1680
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1685 1690 1695
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1715 1720 1725
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1730 1735 1740
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1242
<211> 6621
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1242
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120
ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300
ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360
accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420
acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480
cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720
atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780
ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840
ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900
ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960
ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020
accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600
catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1243

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1243

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275

```
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                 1390                 1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                 1405                 1410

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1415                 1420                 1425
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1430                 1435                 1440
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1445                 1450                 1455
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1460                 1465                 1470

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1475                 1480                 1485
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                 1495                 1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
```

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

```
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                1750                1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                1765                1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                1780                1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                1795                1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                1810                1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                1825                1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                1840                1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                1855                1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                1870                1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
    1880                1885                1890

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1895                1900                1905
Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1910                1915                1920
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
    1925                1930                1935
Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1940                1945                1950

Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1955                1960                1965
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
```

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1244

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1244

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1245

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1245

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1325 1330 1335
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1355 1360 1365
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

```
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
    1880                 1885                 1890

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
```

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1246

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1246

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1247

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1247

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1310 1315 1320

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1325 1330 1335

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1385 1390 1395
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1400 1405 1410

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1248

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1248

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960

gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080
gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140
ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200
agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260
ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320
ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1249

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1249

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1310 1315 1320
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1325 1330 1335
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1385 1390 1395
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1400 1405 1410

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                 1900                 1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                 1915                 1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                 1930                 1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                 1945                 1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1970                 1975                 1980
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1250

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1250

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960

gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080

gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140

ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200

agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260

ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320

ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612
<210> 1251
<211> 2203
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1251

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1310 1315 1320
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1325 1330 1335
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1385 1390 1395
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1400 1405 1410

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1252

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1252

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960

gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080

gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140

ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200

agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260

ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320

ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1253

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1253

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

```
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
```

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1310 1315 1320

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1325 1330 1335

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1355 1360 1365

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1370 1375 1380

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1385 1390 1395
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1400 1405 1410

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1415 1420 1425
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1430 1435 1440
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1254

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1254

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960
cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1255

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1255

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1310 1315 1320
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1355 1360 1365
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1370 1375 1380
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1385 1390 1395
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1400 1405 1410

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1415 1420 1425
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1430 1435 1440
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1256

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1256

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960
cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080
ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140
ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200
agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260
acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320
cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1257

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1257

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

```
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705                 710                 715                 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
                725                 730                 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
            740                 745                 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
```

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945                 950                 955                 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                965                 970                 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            980                 985                 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
        995                 1000                1005
```

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1310 1315 1320

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1325 1330 1335

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1355 1360 1365

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1370 1375 1380

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1385 1390 1395

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1400 1405 1410

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1415 1420 1425

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1430 1435 1440

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1258

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1258

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1259

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1259

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1310 1315 1320
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1355 1360 1365
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1370 1375 1380
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1385 1390 1395

```
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser
    1400                 1405                 1410

Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1415                 1420                 1425
Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1430                 1435                 1440
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Ala Ser  Ser Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1260

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1260

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1261

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1261

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1310 1315 1320
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1325 1330 1335

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1355 1360 1365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1370 1375 1380

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1385 1390 1395

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1262
<211> 6612
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1262
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1263

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1263

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

```
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly
    1025                1030                1035
Ser Ala  Pro Gly Ala Ser Ser  Pro Pro Val Leu Lys  Arg His Gln
    1040                1045                1050

Ala Glu  Ile Thr Arg Thr Thr  Leu Gln Ser Asp Gln  Glu Glu Ile
    1055                1060                1065
Asp Tyr  Asp Asp Thr Ile Ser  Val Glu Met Lys Lys  Glu Asp Phe
    1070                1075                1080
Asp Ile  Tyr Asp Glu Asp Glu  Asn Gln Ser Pro Arg  Ser Phe Gln
    1085                1090                1095
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp
    1100                1105                1110

Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                1120                1125
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170

Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230

Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
```

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1310 1315 1320

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1325 1330 1335

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1355 1360 1365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1370 1375 1380

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1385 1390 1395

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1264

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1264

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1265

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1265

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

```
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
            660                 665                 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
        675                 680                 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
    690                 695                 700
```

```
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705                 710                 715                 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
                725                 730                 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
            740                 745                 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
```

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1310 1315 1320
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1355 1360 1365
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1370 1375 1380
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1385 1390 1395
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1266

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1266

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120
tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180
gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300
tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360
gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420
gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480
agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540
cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600
tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1267

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1267

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1310 1315 1320
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1325 1330 1335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1355 1360 1365
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1430 1435 1440
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1268

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1268

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960

acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080

tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140

acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200

tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260

tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320

ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1269

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1269

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1310 1315 1320
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1325 1330 1335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1355 1360 1365
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1430 1435 1440
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

```
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                1750                1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                1765                1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                1780                1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                1795                1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                1810                1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                1825                1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                1840                1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                1855                1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                1870                1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                1885                1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                1900                1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                1915                1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                1930                1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                1945                1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                1960                1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
```

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1270

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1270

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960

acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080

tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140

acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200

tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260

tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320

ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1271

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1271

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

```
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225                 230                 235                 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
                245                 250                 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
            260                 265                 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
        275                 280                 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
    290                 295                 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305                 310                 315                 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
                325                 330                 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
            340                 345                 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
        355                 360                 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
    370                 375                 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385                 390                 395                 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
                405                 410                 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
```

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1310 1315 1320
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1325 1330 1335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1355 1360 1365
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1430 1435 1440

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

```
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                 1675                 1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                 1690                 1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1700                 1705                 1710

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1715                 1720                 1725
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1730                 1735                 1740
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                 1750                 1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
```

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1272

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1272

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960
acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080
tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140
acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200
tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260
tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320
ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380
agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1273

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1273

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1310 1315 1320

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1325 1330 1335

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1355 1360 1365

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1430 1435 1440
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1274

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1274

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960

acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080
tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140
acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200
tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260
tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320
ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380
agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1275

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1275

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

```
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                 1300                 1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Gly Ala Pro Ser  Pro Ala Gly
    1310                 1315                 1320
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1325                 1330                 1335
Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1340                 1345                 1350

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1355                 1360                 1365
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1370                 1375                 1380
Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1385                 1390                 1395
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1400                 1405                 1410

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1415                 1420                 1425
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1430                 1435                 1440
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1445                 1450                 1455
Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
```

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                 1900                 1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                 1915                 1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                 1930                 1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                 1945                 1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1970                 1975                 1980
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1276

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1276

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960

ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080

cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200

ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260

agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320

tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380

gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612
<210> 1277
<211> 2203
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1277

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
1310 1315 1320
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1325 1330 1335
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1340 1345 1350

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1355 1360 1365
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1370 1375 1380
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1385 1390 1395
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1400 1405 1410

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1415 1420 1425
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1430 1435 1440
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1445 1450 1455

```
Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                1465                1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                1480                1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                1495                1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                1510                1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                1540                1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                1555                1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                1570                1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                1585                1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                1600                1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                1615                1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1625                1630                1635
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1640                1645                1650

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1655                1660                1665
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                1675                1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
```

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1278

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1278

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140
atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200
aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260
ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320
ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380
catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440
gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960

ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080

cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200

ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260

agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320

tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380

gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1279

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1279

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

165 170 175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

```
His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
            420                 425                 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
        435                 440                 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
    450                 455                 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465                 470                 475                 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
                485                 490                 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
            500                 505                 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
        515                 520                 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
    530                 535                 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545                 550                 555                 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
                565                 570                 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
            580                 585                 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
        595                 600                 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
    610                 615                 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625                 630                 635                 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
                645                 650                 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
```

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

1310 1315 1320

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1325 1330 1335

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1355 1360 1365

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1370 1375 1380

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1385 1390 1395
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1400 1405 1410

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1415 1420 1425
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1430 1435 1440
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1445 1450 1455
Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1280

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1280

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960
ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080

cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200

ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260

agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320

tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380

gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1281

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1281

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

```
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Gly Ala Pro Ser  Pro Ala Gly
    1310                 1315                 1320
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1325                 1330                 1335
Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1340                 1345                 1350

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1355                 1360                 1365
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1370                 1375                 1380
Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1385                 1390                 1395
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1400                 1405                 1410

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1415                 1420                 1425
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1430                 1435                 1440
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1445                 1450                 1455
Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

```
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                 1900                 1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                 1915                 1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                 1930                 1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                 1945                 1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1970                 1975                 1980
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1985                 1990                 1995
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
```

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1282

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1282

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960
ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080
cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140
agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200
ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260
agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320
tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380
gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1283

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1283

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
20 25 30

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
35 40 45
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
50 55 60
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
85 90 95

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
100 105 110
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
115 120 125
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
130 135 140
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
145 150 155 160

Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945                 950                 955                 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                965                 970                 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            980                 985                 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
        995                 1000                1005
```

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

1310 1315 1320

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1355 1360 1365

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1370 1375 1380

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1385 1390 1395

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1415 1420 1425

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1430 1435 1440

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1445 1450 1455

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1625                 1630                 1635
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1640                 1645                 1650

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1655                 1660                 1665
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                 1675                 1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                 1690                 1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1284

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1284

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaacatcag agagcgccac ccctgaaagt ggtcccggga gcgagccagc cacatctggg 120

tcggaaacgc caggcacaag tgagtctgca actcccgagt ccggacctgg ctccgagcct 180

gccactagcg gctccgagac tccgggaact tccgagagcg ctacaccaga aagcggaccc 240

ggaaccagta ccgaacctag cgagggctct gctccgggca gcccagccgg ctctcctaca 300

tccacggagg agggcacttc cgaatccgcc accccggagt cagggccagg atctgaaccc 360

gctacctcag gcagtgagac gccaggaacg agcgagtccg ctacaccgga gagtgggcca 420

gggagccctg ctggatctcc tacgtccact gaggaagggt caccagcggg ctcgcccacc 480

agcactgaag aaggtgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380

ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1285

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1285

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

325 330 335

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
1310 1315 1320
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1325 1330 1335
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1340 1345 1350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1355 1360 1365
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
1370 1375 1380
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1385 1390 1395

```
Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    1400                 1405                 1410

Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser Thr Gly  Ser Pro Gly
    1415                 1420                 1425
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Thr
    1430                 1435                 1440
Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1445                 1450                 1455
Ser Thr  Gly Ser Pro Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1286

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1286

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120

ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180

tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380

ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1287

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1287

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
50 55 60

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
85 90 95

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
100 105 110

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
130 135 140
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
165 170 175
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

355 360 365

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

370 375 380

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
1310 1315 1320
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1355 1360 1365

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1370 1375 1380

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1385 1390 1395

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1415 1420 1425

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1430 1435 1440

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1445 1450 1455

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

```
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                1570                1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                1585                1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                1600                1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                1615                1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1625                1630                1635
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1640                1645                1650

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1655                1660                1665
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                1675                1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                1690                1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1700                1705                1710

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1715                1720                1725
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1730                1735                1740
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                1750                1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                1765                1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                1780                1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
```

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1288
<211> 6612
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1288
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

ggcgcgccag gctccagccc ctccgcgagc acgggaaccg gaccaggttc gtcaccctca 180

gcatcaacgg ggacgggacc gggggcgtca ccaggaacgt cctccaccgg ctcgccgggt 240

gcatcacccg gaacgtcatc gaccggatcg ccagggagct cgacgccatc aggcgcaaca 300

ggatcacctg gctcaagccc tagcgcgtca accggcacgg gtccgggtgc ctcccctggc 360

acgtccagca ccggatcacc cggatcgagc ccatccgcct caaccggaac cggacccggt 420

acaccagggt cgggaacagc ctcctcgtca ccaggctcct caacccccctc gggagccacg 480

ggttcgcccg gttcgtcaac gccttccgga gcaactggta gccccggagc atcgccagga 540

acttcgagca cggggtcgcc cgcctcgagc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380

ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1289

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1289

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

1310 1315 1320

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1355 1360 1365

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1370 1375 1380

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1385 1390 1395

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1415 1420 1425

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1430 1435 1440

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1445 1450 1455

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

```
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1625                 1630                 1635
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1640                 1645                 1650

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1655                 1660                 1665
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                 1675                 1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                 1690                 1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1700                 1705                 1710

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
```

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1290

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1290

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080
acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140
actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200
gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260
acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320
agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380
ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1291

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1291

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

```
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
                405                 410                 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
            420                 425                 430
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
        435                 440                 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
```

450 455 460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

485 490 495

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

500 505 510

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

515 520 525

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1130 1135 1140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1160 1165 1170

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1175 1180 1185

```
Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1190                 1195                 1200
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Pro
    1205                 1210                 1215
Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1220                 1225                 1230

Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1235                 1240                 1245
Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1250                 1255                 1260
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ala Ser
    1265                 1270                 1275
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                 1390                 1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                 1405                 1410

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
```

1415 1420 1425

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

```
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
```

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1292

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1292

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3420

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1293

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1293

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

```
Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                 1120                 1125
Gln Gly  Ala Pro Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1130                 1135                 1140
Gly Ser  Glu Pro Ala Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser
    1145                 1150                 1155
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1160                 1165                 1170

Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu
    1175                 1180                 1185
Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro
    1190                 1195                 1200
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Pro
    1205                 1210                 1215
Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1220                 1225                 1230

Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
    1235                 1240                 1245
Thr Glu  Glu Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1250                 1255                 1260
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ala Ser
    1265                 1270                 1275
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
```

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1355 1360 1365
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1430 1435 1440
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1445 1450 1455
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1625 1630 1635
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1655 1660 1665
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1670 1675 1680
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1685 1690 1695
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1715 1720 1725
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1730 1735 1740
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1294
<211> 6621
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1294
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260
tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320
ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380
ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440
tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560
acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620
tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag 3420

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600
catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1295

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1295

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1130 1135 1140
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1145 1150 1155
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1175 1180 1185
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1190 1195 1200
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1205 1210 1215
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1235 1240 1245
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1250 1255 1260
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1265 1270 1275

```
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                 1390                 1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                 1405                 1410

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1415                 1420                 1425
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1430                 1435                 1440
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1445                 1450                 1455
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1460                 1465                 1470

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1475                 1480                 1485
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                 1495                 1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
```

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1805 1810 1815
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1296

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1296

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560
accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620
tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1297

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1297

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

```
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1205                 1210                 1215
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1220                 1225                 1230

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1235                 1240                 1245
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1250                 1255                 1260
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1265                 1270                 1275
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1280                 1285                 1290

Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1295                 1300                 1305
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1310                 1315                 1320
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1325                 1330                 1335
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1340                 1345                 1350

Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1355                 1360                 1365
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                 1375                 1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                 1390                 1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                 1405                 1410

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1415                 1420                 1425
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
```

1430 1435 1440

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1445 1450 1455

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

```
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
    1880                 1885                 1890

Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
```

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2045 2050 2055

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1298

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1298

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420
tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480
gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540
ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660
ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720
ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780
acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840
gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900
tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960
tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1299

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1299

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1130 1135 1140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1145 1150 1155

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1160 1165 1170

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1175 1180 1185

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1190 1195 1200

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1205 1210 1215

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1220 1225 1230

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1235 1240 1245

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1250 1255 1260

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1265 1270 1275

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1295 1300 1305

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1310 1315 1320

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1325 1330 1335

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1355 1360 1365

```
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1370                1375                1380
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1385                1390                1395
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1400                1405                1410

Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1415                1420                1425
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1430                1435                1440
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1445                1450                1455
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1460                1465                1470

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1475                1480                1485
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                1495                1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1505                1510                1515
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1535                1540                1545
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1550                1555                1560
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                1570                1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                1585                1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
```

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1300

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1300

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3420

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 3480

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 3540

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 3600

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 3660

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 3720

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 3780

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080
cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140
catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200
gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260
acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320
atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380
ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1301

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1301

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1310 1315 1320
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1325 1330 1335
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1385 1390 1395
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1400 1405 1410

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                 1900                 1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                 1915                 1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                 1930                 1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                 1945                 1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1970                 1975                 1980
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1302

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1302

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtccttttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960

gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080

gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140

ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200

agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260

ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320

ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612
<210> 1303
<211> 2203
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1303

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1310 1315 1320
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1325 1330 1335
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1385 1390 1395
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1400 1405 1410

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1304

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1304

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gccccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260
gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320
ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380
ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440
gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560
gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960

gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080

gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140

ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200

agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260

ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320

ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1305

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1305

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1310 1315 1320

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1325 1330 1335

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1355 1360 1365

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1370 1375 1380

```
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1385                 1390                 1395
Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1400                 1405                 1410

Glu Thr  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1415                 1420                 1425
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser
    1430                 1435                 1440
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
```

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1306

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1306

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960
gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080

gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140

ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200

agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260

ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320

ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1307

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1307

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1310 1315 1320
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1355 1360 1365
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1370 1375 1380
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1385 1390 1395
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1400 1405 1410

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1415 1420 1425
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1430 1435 1440
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1308

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1308

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960
cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080
ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140
ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200
agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260
acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320
cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1309

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1309

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

```
        755                 760                 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
    770                 775                 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785                 790                 795                 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
                805                 810                 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
            820                 825                 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
        835                 840                 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
    850                 855                 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865                 870                 875                 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
                885                 890                 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            900                 905                 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
        915                 920                 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
    930                 935                 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945                 950                 955                 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
                965                 970                 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
            980                 985                 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
        995                 1000                1005
```

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1310 1315 1320

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1325 1330 1335

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1355 1360 1365

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1370 1375 1380

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1385 1390 1395

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1400 1405 1410

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1415 1420 1425

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1430 1435 1440

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1625                 1630                 1635
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1640                 1645                 1650

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1655                 1660                 1665
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                 1675                 1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                 1690                 1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1310

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1310

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1311

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1311

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1310 1315 1320
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1340 1345 1350

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1355 1360 1365
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1370 1375 1380
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1385 1390 1395

```
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser
    1400                 1405                 1410

Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1415                 1420                 1425
Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1430                 1435                 1440
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Ala Ser  Ser Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                 1540                 1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                 1555                 1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                 1570                 1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                 1585                 1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                 1600                 1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                 1615                 1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
```

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1312

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1312

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc 3960

cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc 4020

tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc 4080

ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg 4140

ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc 4200

agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg acatcaagca caggttcccc gggatcgagc 4260

acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg 4320

cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1313

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1313

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

435 440 445

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

450 455 460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

485 490 495

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

500 505 510

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

515 520 525

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

```
Lys Lys  Thr Arg His Tyr Phe  Ile Ala Ala Val Glu  Arg Leu Trp
    1100                1105                1110

Asp Tyr  Gly Met Ser Ser Ser  Pro His Val Leu Arg  Asn Arg Ala
    1115                1120                1125
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1130                1135                1140
Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1145                1150                1155
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1160                1165                1170

Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1175                1180                1185
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1190                1195                1200
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1205                1210                1215
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1220                1225                1230

Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1235                1240                1245
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1250                1255                1260
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1265                1270                1275
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1280                1285                1290

Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                1300                1305
Cys Asn  Ile Gly Ala Pro Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr
    1310                1315                1320
Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly
```

1325 1330 1335

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1355 1360 1365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1370 1375 1380

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1385 1390 1395

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1314
<211> 6612
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1314
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1315

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1315

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1310 1315 1320

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1325 1330 1335

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1355 1360 1365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1370 1375 1380

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1385 1390 1395

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1316

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1316

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960
acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080
gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140
gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200
cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260
ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320
cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380
agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1317

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1317

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

```
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
                405                 410                 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
            420                 425                 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
        435                 440                 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
```

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1310 1315 1320
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1355 1360 1365
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1370 1375 1380
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1385 1390 1395
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1318

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1318

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1319

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1319

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1310 1315 1320
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1325 1330 1335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1355 1360 1365
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1430 1435 1440
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1320

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1320

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260
tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320
ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380
ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440
tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560
acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620
tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960

acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080

tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140

acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200

tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260

tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320

ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612

<210> 1321

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1321

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1310 1315 1320
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1325 1330 1335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1355 1360 1365
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1430 1435 1440
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

```
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                1750                1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                1765                1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                1780                1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                1795                1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                1810                1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                1825                1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                1840                1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                1855                1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                1870                1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                1885                1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                1900                1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                1915                1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                1930                1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                1945                1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                1960                1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
```

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1322

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1322

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560
accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620
tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960

acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080

tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140

acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200

tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260

tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320

ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1323

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1323

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1310 1315 1320
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1325 1330 1335
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1340 1345 1350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1355 1360 1365
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1415 1420 1425
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1430 1435 1440

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1445 1450 1455

Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

```
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                 1675                 1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                 1690                 1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1700                 1705                 1710

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1715                 1720                 1725
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1730                 1735                 1740
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                 1750                 1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
```

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1324

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1324

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc caggtacacc cggatcgggt 3960
acagcgtcat cgagccccgg tgcgtcacct ggtacgtcga gcacggggtc gccaggggcg 4020

tcccctggga cgtcctcaac aggctcgccc ggtgcgtcac ccggcacgtc gtccacgggt 4080
tcacctggta gctccccttc cgcgtccact ggcaccgggc ctggaactcc ggggagcggc 4140
acagcgagct cgtcgccggg agcatcgcct gggacatcga gcaccgggtc gccaggagca 4200
tcgcccggaa catccagcac aggaagcccc ggcgcgtcgc ccgggacatc aagcacaggt 4260
tccccgggat cgagcacgcc gtccggagcc actggatcac cagggagctc gacaccttcc 4320
ggcgcaacgg gatcgcccgg agccagcccg ggtacgtcaa gcactggctc ccctgcctcg 4380
agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1325

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1325

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu
405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

1310 1315 1320

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1325 1330 1335

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1355 1360 1365

```
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1370                1375                1380
Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1385                1390                1395
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1400                1405                1410

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1415                1420                1425
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1430                1435                1440
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1445                1450                1455
Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                1465                1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                1480                1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                1495                1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                1510                1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                1540                1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                1555                1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                1570                1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                1585                1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
```

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1326

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1326

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960

ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080
cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140
agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200
ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260
agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320
tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380
gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1327

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1327

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

```
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1295                 1300                 1305
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Gly Ala Pro Ser  Pro Ala Gly
    1310                 1315                 1320
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1325                 1330                 1335
Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro Ser Glu  Gly Ser Ala
    1340                 1345                 1350

Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1355                 1360                 1365
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Thr Glu
    1370                 1375                 1380
Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1385                 1390                 1395
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1400                 1405                 1410

Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser Glu Thr  Pro Gly Ser
    1415                 1420                 1425
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1430                 1435                 1440
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1445                 1450                 1455
Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                 1510                 1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
```

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                 1900                 1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                 1915                 1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                 1930                 1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                 1945                 1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1970                 1975                 1980
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1328

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1328

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960

ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080

cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200

ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260

agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320

tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380

gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612
<210> 1329
<211> 2203
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1329

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

435 440 445

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

450 455 460

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1235 1240 1245
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1250 1255 1260
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1265 1270 1275
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
1310 1315 1320
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1325 1330 1335
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1340 1345 1350

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1355 1360 1365
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1370 1375 1380
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1385 1390 1395
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1400 1405 1410

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1415 1420 1425
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1430 1435 1440
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1445 1450 1455

Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1850 1855 1860

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1865 1870 1875

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1330

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1330

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260
tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320
ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380
ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440
tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560
acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620
tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccatct 3960

ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 4020

ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 4080

cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 4140

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 4200

ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 4260

agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 4320

tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 4380

gcaccaggtg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1331

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1331

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
420 425 430
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
435 440 445
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
485 490 495
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

1310 1315 1320

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1355 1360 1365

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1370 1375 1380

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1385 1390 1395
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1400 1405 1410

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1415 1420 1425
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1430 1435 1440
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1445 1450 1455
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1332

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1332

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260

gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320

ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380

ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440

gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620

gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380

ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1333

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1333

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
435 440 445
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
450 455 460
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
485 490 495
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
500 505 510
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
515 520 525
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

```
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Gly Ala Pro Gly  Thr Pro Gly
    1310                1315                1320
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1325                1330                1335
Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    1340                1345                1350

Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser Thr Gly  Ser Pro Gly
    1355                1360                1365
Ser Ser  Pro Ser Ala Ser Thr  Gly Thr Gly Pro Gly  Thr Pro Gly
    1370                1375                1380
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1385                1390                1395
Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    1400                1405                1410

Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser Thr Gly  Ser Pro Gly
    1415                1420                1425
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Thr
    1430                1435                1440
Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1445                1450                1455
Ser Thr  Gly Ser Pro Ala Ser  Ser Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                1465                1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                1480                1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                1495                1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                1510                1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1334

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1334

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg ggaacatcat caactggttc acccgggtca 1260

tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca 1320

ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc 1380

ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc 1440

tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc 1500

tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg 1560

acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg 1620

tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080
acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140
actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200
gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260
acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320
agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380
ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1335

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1335

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

```
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
            740                 745                 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
```

```
        755                 760                 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
    770                 775                 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785                 790                 795                 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                805                 810                 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
            820                 825                 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
        835                 840                 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    850                 855                 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865                 870                 875                 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
        995                 1000                1005
```

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser

1235 1240 1245

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1310 1315 1320

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1340 1345 1350

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1355 1360 1365

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1370 1375 1380

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1385 1390 1395

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1400 1405 1410

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1415 1420 1425

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1430 1435 1440

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1445 1450 1455

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

```
Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1475                1480                1485
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                1495                1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1505                1510                1515
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1535                1540                1545
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1550                1555                1560
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                1570                1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                1585                1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                1600                1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                1615                1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                1630                1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                1645                1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                1660                1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                1675                1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                1690                1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
```

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1715 1720 1725
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1730 1735 1740
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1745 1750 1755
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1775 1780 1785
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1790 1795 1800
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1805 1810 1815
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1835 1840 1845
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1850 1855 1860
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1336

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1336

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccatctc cagccgggtc cccaacttcg 3960

accgaggaag ggacctccga gtcagctacc ccggagtccg gtcctggcac ctccaccgaa 4020

ccatcggagg gcagcgcccc tgggagccct gccgggagcc ctacaagcac cgaagagggc 4080

accagtacag agccaagtga ggggagcgcc cctggtacta gtactgaacc atccgagggg 4140

tcagctccag gcacgagtga gtccgctacc cccgagagcg gaccgggctc agagcccgcc 4200

acgagtggca gtgaaactcc aggctcagaa cccgccacta gtgggtcaga gactccaggc 4260

agccctgccg gatcccctac gtccaccgag gagggaacat ctgagtccgc aacacccgaa 4320

tccggtccag gcacctccac ggaacctagt gaaggctcgg caccaggtgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1337

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1337

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

```
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
            980                 985                 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
        995                 1000                1005
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1010                1015                1020
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr
    1025                1030                1035
Gly Thr  Gly Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1040                1045                1050

Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala
    1055                1060                1065
Ser Pro  Gly Thr Ser Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1070                1075                1080
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1085                1090                1095
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1100                1105                1110

Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1115                1120                1125
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1130                1135                1140
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1145                1150                1155
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
```

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1250 1255 1260
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1265 1270 1275
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1295 1300 1305
Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1310 1315 1320
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1325 1330 1335
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1340 1345 1350

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1355 1360 1365
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1370 1375 1380
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1385 1390 1395

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1400 1405 1410

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1415 1420 1425
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1430 1435 1440
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1445 1450 1455
Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1595 1600 1605
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1610 1615 1620
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1655 1660 1665

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1670 1675 1680

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1865 1870 1875
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2090 2095 2100

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2135 2140 2145

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1338

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1338

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcaggggc gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg 3960

tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct 4020

gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct 4080

ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg 4140

agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc 4200

ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg tcgcccggga catcaagcac aggttccccg 4260

ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca 4320

acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcgct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600
catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1339
<211> 2206
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1339

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095

```
Thr Gly  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1100                 1105                 1110

Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1115                 1120                 1125
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1130                 1135                 1140
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1145                 1150                 1155
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1160                 1165                 1170

Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1175                 1180                 1185
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1190                 1195                 1200
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1205                 1210                 1215
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1220                 1225                 1230

Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1235                 1240                 1245
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1250                 1255                 1260
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1265                 1270                 1275
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1280                 1285                 1290

Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1295                 1300                 1305
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gly  Ala Pro Ser Pro Ala  Gly Ser Pro
    1310                 1315                 1320
Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser
```

1325 1330 1335

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

1355 1360 1365

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1370 1375 1380

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1385 1390 1395

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1400 1405 1410

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

1415 1420 1425

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1430 1435 1440

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1445 1450 1455

Ala Pro Gly Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

```
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                1570                1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                1585                1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                1600                1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                1615                1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                1630                1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                1645                1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                1660                1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                1675                1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                1690                1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                1705                1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                1720                1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                1735                1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                1750                1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                1765                1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                1780                1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
```

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1340
<211> 6621
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1340
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000
tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060
tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120
gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tcggcgcgcc atctccagcc 3960

gggtccccaa cttcgaccga ggaagggacc tccgagtcag ctaccccgga gtccggtcct 4020

ggcacctcca ccgaaccatc ggagggcagc gcccctggga gccctgccgg gagccctaca 4080

agcaccgaag agggcaccag tacagagcca agtgagggga gcgcccctgg tactagtact 4140

gaaccatccg aggggtcagc tccaggcacg agtgagtccg ctacccccga gagcggaccg 4200

ggctcagagc ccgccacgag tggcagtgaa actccaggct cagaacccgc cactagtggg 4260

tcagagactc caggcagccc tgccggatcc cctacgtcca ccgaggaggg aacatctgag 4320

tccgcaacac ccgaatccgg tccaggcacc tccacggaac ctagtgaagg ctcggcacca 4380

ggtgcctcga gccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1341

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1341

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1025 1030 1035
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1055 1060 1065
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1070 1075 1080
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1085 1090 1095
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1115 1120 1125
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1130 1135 1140
Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1145 1150 1155
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1175 1180 1185
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1190 1195 1200
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1205 1210 1215
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1220 1225 1230

Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1235 1240 1245
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1250 1255 1260

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1265 1270 1275

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1280 1285 1290

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1295 1300 1305

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1310 1315 1320

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1325 1330 1335

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1340 1345 1350

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1355 1360 1365

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1370 1375 1380

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1385 1390 1395

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1400 1405 1410

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1415 1420 1425

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1430 1435 1440

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1445 1450 1455

Gly Ser Pro Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

```
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                 1495                 1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1505                 1510                 1515
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1535                 1540                 1545
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1550                 1555                 1560
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                 1570                 1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                 1585                 1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                 1600                 1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                 1615                 1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                 1630                 1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                 1645                 1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
```

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1342

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1342

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240
tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300
tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360
tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480
ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900
actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tcggcgcgcc aggtacaccc 3960
ggatcgggta cagcgtcatc gagccccggt gcgtcacctg gtacgtcgag cacggggtcg 4020

ccaggggcgt cccctgggac gtcctcaaca ggctcgcccg gtgcgtcacc cggcacgtcg 4080
tccacgggtt cacctggtag ctccccttcc gcgtccactg gcaccgggcc tggaactccg 4140
gggagcggca cagcgagctc gtcgccggga gcatcgcctg ggacatcgag caccgggtcg 4200
ccaggagcat cgcccggaac atccagcaca ggaagccccg gcgcgtcgcc cgggacatca 4260
agcacaggtt ccccgggatc gagcacgccg tccggagcca ctggatcacc agggagctcg 4320
acaccttccg gcgcaacggg atcgcccgga gccagcccgg gtacgtcaag cactggctcc 4380
cctgcctcga gccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1343

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1343

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

```
    450                 455                 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465                 470                 475                 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
```

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

```
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1190                 1195                 1200
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1205                 1210                 1215
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1220                 1225                 1230

Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1235                 1240                 1245
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1250                 1255                 1260
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1265                 1270                 1275
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1280                 1285                 1290

Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1295                 1300                 1305
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Gly  Ala Pro Ser
    1310                 1315                 1320
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1325                 1330                 1335
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser Thr Glu  Pro Ser Glu
    1340                 1345                 1350

Gly Ser  Ala Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1355                 1360                 1365
Glu Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Thr
    1370                 1375                 1380
Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1385                 1390                 1395
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
    1400                 1405                 1410

Ser Glu  Thr Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1415 1420 1425

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1430 1435 1440

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1445 1450 1455

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu

1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1475 1480 1485

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1490 1495 1500

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1505 1510 1515

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1535 1540 1545

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1550 1555 1560

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1565 1570 1575

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1580 1585 1590

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1595 1600 1605

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1610 1615 1620

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1625 1630 1635

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1640 1645 1650

```
Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
    1805                 1810                 1815
Phe Leu  Ile Ser Ser Ser Gln  Asp Gly His Gln Trp  Thr Leu Phe
    1820                 1825                 1830

Phe Gln  Asn Gly Lys Val Lys  Val Phe Gln Gly Asn  Gln Asp Ser
    1835                 1840                 1845
Phe Thr  Pro Val Val Asn Ser  Leu Asp Pro Pro Leu  Leu Thr Arg
    1850                 1855                 1860
Tyr Leu  Arg Ile His Pro Gln  Ser Trp Val His Gln  Ile Ala Leu
    1865                 1870                 1875
Arg Met  Glu Val Leu Gly Cys  Glu Ala Gln Asp Leu  Tyr Gly Ala
```

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1910 1915 1920
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1344

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1344

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccggc 3960

gcgccatctc cagccgggtc cccaacttcg accgaggaag ggacctccga gtcagctacc 4020

ccggagtccg gtcctggcac ctccaccgaa ccatcggagg gcagcgcccc tgggagccct 4080

gccgggagcc ctacaagcac cgaagagggc accagtacag agccaagtga ggggagcgcc 4140

cctggtacta gtactgaacc atccgagggg tcagctccag gcacgagtga gtccgctacc 4200

cccgagagcg gaccgggctc agagcccgcc acgagtggca gtgaaactcc aggctcagaa 4260

cccgccacta gtgggtcaga gactccaggc agccctgccg gatcccctac gtccaccgag 4320

gagggaacat ctgagtccgc aacacccgaa tccggtccag gcacctccac ggaacctagt 4380

gaaggctcgg caccaggtgc ctcgagcact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500
tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560
gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620
gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680
attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740
cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800
caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920
cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980
atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040
accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100
cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160
cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220
agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340
caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400
ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460
atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520
gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580
ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640
gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1345

<211> 2206

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1345

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

995 1000 1005

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1055 1060 1065

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1100 1105 1110

```
Pro Gly  Ala Ser Pro Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Ala Ser
    1115                 1120                 1125
Ser Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    1130                 1135                 1140
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    1145                 1150                 1155
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1160                 1165                 1170

Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1175                 1180                 1185
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1190                 1195                 1200
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro
    1205                 1210                 1215
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1220                 1225                 1230

Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1235                 1240                 1245
Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1250                 1255                 1260
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1265                 1270                 1275
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1280                 1285                 1290

Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1295                 1300                 1305
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Gly  Ala Pro Gly
    1310                 1315                 1320
Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser Pro Gly  Ala Ser Pro
    1325                 1330                 1335
Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
```

1340 1345 1350

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1355 1360 1365
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1370 1375 1380
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1385 1390 1395
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1400 1405 1410

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1415 1420 1425
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1430 1435 1440
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1445 1450 1455
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu
1460 1465 1470

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1475 1480 1485
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1490 1495 1500
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1505 1510 1515
Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1520 1525 1530

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1535 1540 1545
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1550 1555 1560
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1565 1570 1575

```
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                 1585                 1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                 1600                 1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                 1615                 1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                 1630                 1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                 1645                 1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
    1685                 1690                 1695
Phe Asn  Pro Pro Ile Ile Ala  Arg Tyr Ile Arg Leu  His Pro Thr
    1700                 1705                 1710

His Tyr  Ser Ile Arg Ser Thr  Leu Arg Met Glu Leu  Met Gly Cys
    1715                 1720                 1725
Asp Leu  Asn Ser Cys Ser Met  Pro Leu Gly Met Glu  Ser Lys Ala
    1730                 1735                 1740
Ile Ser  Asp Ala Gln Ile Thr  Ala Ser Ser Tyr Phe  Thr Asn Met
    1745                 1750                 1755
Phe Ala  Thr Trp Ser Pro Ser  Lys Ala Arg Leu His  Leu Gln Gly
    1760                 1765                 1770

Arg Ser  Asn Ala Trp Arg Pro  Gln Val Asn Asn Pro  Lys Glu Trp
    1775                 1780                 1785
Leu Gln  Val Asp Phe Gln Lys  Thr Met Lys Val Thr  Gly Val Thr
    1790                 1795                 1800
Thr Gln  Gly Val Lys Ser Leu  Leu Thr Ser Met Tyr  Val Lys Glu
```

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1925 1930 1935

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1955 1960 1965

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1970 1975 1980

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1985 1990 1995

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

2015 2020 2025

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2030 2035 2040

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2150 2155 2160
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2165 2170 2175
Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200 2205

<210> 1346

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1346

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 3000

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 3060

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 3120

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 3180

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 3240

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 3300

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 3360

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420

aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540

atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600

tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660

accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720

tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780

attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840

acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccggc 3960

gcgccaggta cacccggatc gggtacagcg tcatcgagcc ccggtgcgtc acctggtacg 4020

tcgagcacgg ggtcgccagg ggcgtcccct gggacgtcct caacaggctc gcccggtgcg 4080

tcacccggca cgtcgtccac gggttcacct ggtagctccc cttccgcgtc cactggcacc 4140

gggcctggaa ctccggggag cggcacagcg agctcgtcgc cgggagcatc gcctgggaca 4200

tcgagcaccg ggtcgccagg agcatcgccc ggaacatcca gcacaggaag ccccggcgcg 4260

tcgcccggga catcaagcac aggttccccg ggatcgagca cgccgtccgg agccactgga 4320

tcaccaggga gctcgacacc ttccggcgca acgggatcgc ccggagccag cccgggtacg 4380

tcaagcactg gctcccctgc ctcgagcact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttтc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

accccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760
tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820
actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880
tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940
tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000
acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060
cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180
ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240
acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300
gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360
gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420
agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480
tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600
catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1347

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1347

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ala Ser Pro

545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

565 570 575

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

580 585 590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

595 600 605

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

610 615 620

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

625 630 635 640

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

660 665 670

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp

690 695 700

Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly

705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe

725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu

740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln

755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg

770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp

785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu
965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val
995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr
1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu
1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1055 1060 1065
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1070 1075 1080
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1085 1090 1095
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1115 1120 1125
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1130 1135 1140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1145 1150 1155
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1175 1180 1185
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1190 1195 1200
Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1205 1210 1215
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1235 1240 1245
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1250 1255 1260
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1265 1270 1275

```
Gln Ser  Gly Ser Val Pro Gln  Phe Lys Lys Val Val  Phe Gln Glu
    1280                 1285                 1290

Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
    1295                 1300                 1305
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1310                 1315                 1320
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1325                 1330                 1335
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1340                 1345                 1350

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1355                 1360                 1365
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1370                 1375                 1380
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1385                 1390                 1395
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1400                 1405                 1410

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1415                 1420                 1425
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1430                 1435                 1440
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
    1445                 1450                 1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                 1465                 1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                 1480                 1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                 1495                 1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
```

```
    1505                1510                1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                1540                1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                1555                1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                1570                1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                1585                1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1595                1600                1605
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1610                1615                1620
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1625                1630                1635
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1640                1645                1650

Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1655                1660                1665
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                1675                1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                1690                1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1700                1705                1710

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1715                1720                1725
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1730                1735                1740
```

```
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                1750                1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                1765                1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                1780                1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                1795                1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                1810                1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                1825                1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                1840                1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                1855                1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                1870                1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                1885                1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                1900                1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                1915                1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                1930                1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                1945                1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                1960                1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
```

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1348

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1348

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560
attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620
gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg gcgcgccagg tgcctcgccg 1680
ggaacatcat caactggttc acccgggtca tccccctcgg cctcaaccgg gacgggtccc 1740
ggctcatccc ccagcgccag cactggaaca ggtcctggca ctcctggttc cggtacggca 1800
tcgtcatccc cgggaagctc aacaccgtcc ggagcgacag gatcacctgg ctcgtcacct 1860
tcggcgtcaa ctggaacggg gccaggggcc tcacccggaa cgtcctcgac tgggtcgcct 1920

ggtacgccgg gatcaggaac ggcctcatcc tcgcctgggt cctcaacgcc ctcgggtgcg 1980
actggttcgc cgggaactcc tggctcgggg acggcctcgt cgtcgcctgg ggcatcaccg 2040
gggacgagct ccacggggtc ccctggagcg tcaccgggga cctcctcgac aggtagcccg 2100
gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1349

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1349

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly
545 550 555 560
Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser
565 570 575
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
580 585 590
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
595 600 605

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
610 615 620
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
625 630 635 640
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
645 650 655
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
660 665 670

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
675 680 685
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
690 695 700
Ser Pro Ala Ser Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly
705 710 715 720

Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe
725 730 735

Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu
740 745 750

Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln
755 760 765

Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg
770 775 780

Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp
785 790 795 800

Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr
805 810 815

Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr
820 825 830

Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile
835 840 845

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn
850 855 860

Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp
865 870 875 880

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro
885 890 895

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn
900 905 910

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser
915 920 925

Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala
930 935 940

Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His
945 950 955 960

Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu

965 970 975

Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys

980 985 990

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val

995 1000 1005

Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr

1010 1015 1020

Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu

1025 1030 1035

Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1055 1060 1065

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1070 1075 1080

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1100 1105 1110

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1115 1120 1125

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1130 1135 1140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1145 1150 1155

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1175 1180 1185

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1190 1195 1200

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1205 1210 1215
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1220 1225 1230

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1235 1240 1245
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1250 1255 1260
Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1265 1270 1275
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1280 1285 1290

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
1295 1300 1305
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1310 1315 1320
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1325 1330 1335
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1340 1345 1350

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1355 1360 1365
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1370 1375 1380
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1385 1390 1395
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1400 1405 1410

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1415 1420 1425
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1430 1435 1440

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1445 1450 1455

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1475 1480 1485

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1490 1495 1500

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1505 1510 1515

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1535 1540 1545

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1550 1555 1560

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1565 1570 1575

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

```
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1670                 1675                 1680
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1685                 1690                 1695
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1700                 1705                 1710

Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1715                 1720                 1725
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1730                 1735                 1740
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1745                 1750                 1755
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
```

1895 1900 1905

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1910 1915 1920

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1970 1975 1980

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1350

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1350

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc 1680

gcgccaggtg cctcgccggg aacatcatca actggttcac ccgggtcatc cccctcggcc 1740

tcaaccggga cgggtcccgg ctcatccccc agcgccagca ctggaacagg tcctggcact 1800

cctggttccg gtacggcatc gtcatccccg ggaagctcaa caccgtccgg agcgacagga 1860

tcacctggct cgtcaccttc ggcgtcaact ggaacggggc caggggcctc acccggaacg 1920

tcctcgactg ggtcgcctgg tacgccggga tcaggaacgg cctcatcctc gcctgggtcc 1980

tcaacgccct cgggtgcgac tggttcgccg ggaactcctg gctcggggac ggcctcgtcg 2040

tcgcctgggg catcaccggg gacgagctcc acggggtccc ctggagcgtc accggggacc 2100

tcctcgacag gtagcccggc ctcgagccaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 2160

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 2220

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 2280

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 2340

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 2400

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 2460

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 2520

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 2580

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 2640

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 2700

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 2760

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 2820
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 2880
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2940
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 3000
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 3060
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 3120
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 3180

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 3240
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 3300
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 3360
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 3420
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 3480
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 3540
acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 3600

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 3660
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 3720
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 3780
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 3840
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3900
cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3960
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 4020

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 4080
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 4140
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 4200
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 4260
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 4320
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1351

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1351

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
165 170 175
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
180 185 190
Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
195 200 205
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
225 230 235 240
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
245 250 255
Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
260 265 270
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
290 295 300
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
305 310 315 320
Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1295 1300 1305

Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1310 1315 1320

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1325 1330 1335

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1340 1345 1350

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1355 1360 1365

```
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
    1370                1375                1380
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr
    1385                1390                1395
Ser Gly  Ser Glu Thr Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1400                1405                1410

Glu Thr  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu
    1415                1420                1425
Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Thr Ser
    1430                1435                1440
Thr Glu  Pro Ser Glu Gly Ser  Ala Pro Gly Ala Ser  Ser Ala Pro
    1445                1450                1455
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1460                1465                1470

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1475                1480                1485
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1490                1495                1500
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1505                1510                1515
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1520                1525                1530

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1535                1540                1545
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1550                1555                1560
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1565                1570                1575
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1580                1585                1590

Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
```

1595 1600 1605

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2075 2080 2085
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2090 2095 2100
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2135 2140 2145
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2150 2155 2160
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2165 2170 2175
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2195 2200

<210> 1352

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1352

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa 3960

gggacctccg agtcagctac cccggagtcc ggtcctggca cctccaccga accatcggag 4020

ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca 4080
gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact agtactgaac catccgaggg gtcagctcca 4140
ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc 4200
agtgaaactc caggctcaga acccgccact agtgggtcag agactccagg cagccctgcc 4260
ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca tctgagtccg caacacccga atccggtcca 4320
ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380
atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500
ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560
gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620
acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680
catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740
ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800
cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920
aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980
tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040
gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100
attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160
gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220
atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1353

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1353

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

65 70 75 80

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

100 105 110

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

115 120 125

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

130 135 140

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

145 150 155 160

Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1310 1315 1320
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1325 1330 1335
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
1340 1345 1350

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1355 1360 1365
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1370 1375 1380
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1385 1390 1395
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
1400 1405 1410

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1415 1420 1425
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1430 1435 1440
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1445 1450 1455
Ala Ser Ser Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1760                 1765                 1770

Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1775                 1780                 1785
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1790                 1795                 1800
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1805                 1810                 1815
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1820                 1825                 1830

Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1835                 1840                 1845
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1850                 1855                 1860
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1865                 1870                 1875
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Thr
    1880                 1885                 1890

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1895                 1900                 1905
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1910                 1915                 1920
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1925                 1930                 1935
Pro Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr
    1940                 1945                 1950

Ser Thr  Glu Pro Ser Glu Gly  Ser Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1970                 1975                 1980
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
```

1985 1990 1995

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2030 2035 2040

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1354

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1354

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggctcca gcccctccgc gagcacggga accggaccag gttcgtcacc ctcagcatca 120

acggggacgg gaccgggggc gtcaccagga acgtcctcca ccggctcgcc gggtgcatca 180

cccggaacgt catcgaccgg atcgccaggg agctcgacgc catcaggcgc aacaggatca 240

cctggctcaa gccctagcgc gtcaaccggc acgggtccgg gtgcctcccc tggcacgtcc 300

agcaccggat cacccggatc gagcccatcc gcctcaaccg gaaccggacc cggtacacca 360

gggtcgggaa cagcctcctc gtcaccaggc tcctcaaccc cctcgggagc cacgggttcg 420

cccggttcgt caacgccttc cggagcaact ggtagccccg gagcatcgcc aggaacttcg 480

agcacggggt cgcccgcctc gagcagtgat ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700

gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atcggcgcgc catctccagc cgggtcccca 3960

acttcgaccg aggaagggac ctccgagtca gctaccccgg agtccggtcc tggcacctcc 4020

accgaaccat cggagggcag cgcccctggg agccctgccg ggagccctac aagcaccgaa 4080

gagggcacca gtacagagcc aagtgagggg agcgcccctg gtactagtac tgaaccatcc 4140

gaggggtcag ctccaggcac gagtgagtcc gctacccccg agagcggacc gggctcagag 4200

cccgccacga gtggcagtga aactccaggc tcagaacccg ccactagtgg gtcagagact 4260

ccaggcagcc ctgccggatc ccctacgtcc accgaggagg gaacatctga gtccgcaaca 4320

cccgaatccg gtccaggcac ctccacggaa cctagtgaag gctcggcacc aggtgcctcg 4380

agccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340
aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400
actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460
agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520
ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580
taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640
ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760
gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820
acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880
tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940
gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000
acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060
actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180
acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240
tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300
acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360
accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420
tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480
gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600
catcaccatt ga 6612
<210> 1355
<211> 2206
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1355

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
500 505 510
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
515 520 525
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

820 825 830

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125

Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1130 1135 1140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1145 1150 1155

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1160 1165 1170

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1175 1180 1185

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1190 1195 1200

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro
1205 1210 1215

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1220 1225 1230

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1235 1240 1245
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1250 1255 1260
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1265 1270 1275
Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val
1280 1285 1290

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
1295 1300 1305
Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1310 1315 1320
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1325 1330 1335
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1340 1345 1350

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1355 1360 1365
Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1370 1375 1380
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1385 1390 1395
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1400 1405 1410

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1415 1420 1425
Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1430 1435 1440
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1445 1450 1455

```
Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1460                 1465                 1470

Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1475                 1480                 1485
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1490                 1495                 1500
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1505                 1510                 1515
Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1520                 1525                 1530

Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1535                 1540                 1545
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1550                 1555                 1560
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1565                 1570                 1575
Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1580                 1585                 1590

Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
    1595                 1600                 1605
Leu Ala  Arg Leu His Tyr Ser  Gly Ser Ile Asn Ala  Trp Ser Thr
    1610                 1615                 1620
Lys Glu  Pro Phe Ser Trp Ile  Lys Val Asp Leu Leu  Ala Pro Met
    1625                 1630                 1635
Ile Ile  His Gly Ile Lys Thr  Gln Gly Ala Arg Gln  Lys Phe Ser
    1640                 1645                 1650

Ser Leu  Tyr Ile Ser Gln Phe  Ile Ile Met Tyr Ser  Leu Asp Gly
    1655                 1660                 1665
Lys Lys  Trp Gln Thr Tyr Arg  Gly Asn Ser Thr Gly  Thr Leu Met
    1670                 1675                 1680
Val Phe  Phe Gly Asn Val Asp  Ser Ser Gly Ile Lys  His Asn Ile
```

1685 1690 1695

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1700 1705 1710

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1715 1720 1725

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1730 1735 1740

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1745 1750 1755

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1760 1765 1770

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1775 1780 1785

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1790 1795 1800

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1805 1810 1815

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1820 1825 1830

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1835 1840 1845

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1850 1855 1860

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1865 1870 1875

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

1880 1885 1890

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1895 1900 1905

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1910 1915 1920

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1925 1930 1935
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1970 1975 1980
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1985 1990 1995
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2000 2005 2010

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2015 2020 2025
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2030 2035 2040
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2045 2050 2055
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2060 2065 2070

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2075 2080 2085
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2090 2095 2100
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2105 2110 2115
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
2135 2140 2145
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2150 2155 2160

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2165 2170 2175

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2180 2185 2190

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200 2205

<210> 1356

<211> 6621

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1356

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gccccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260
gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320
ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380
ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440
gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500

cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560
gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980
tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaacgt ccgaaagtgc tacccctgag 3420

tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct 3480

gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa ccggccactt cagggagcga aacaccagga 3540

acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga 3600

agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc 3660

tcacccacga gcactgaaga gggctctccc gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga 3720

tcaccagcag gctcccccac atcaacagag gagggtacat cagaatctgc tactcccgag 3780

agtggacccg gtacctccac tgagcccagc gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg 3840

gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc 3900

tcctttactc agcccttata ccgtggagaa ctaaatgaac atttgggact cctggggcca 3960

tatataagag cagaagttga agataatatc atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt 4020

ccctattcct tctattctag ccttatttct tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa 4080

cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa accaaaactt acttttggaa agtgcaacat 4140

catatggcac ccactaaaga tgagtttgac tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt 4200

gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg attggacccc ttctggtctg ccacactaac 4260

acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg acagtacagg aatttgctct gtttttcacc 4320

atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct 4380

ccctgcaata tccagatgga agatcccact tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc 4440

aatggctaca taatggatac actacctggc ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga 4500

tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa aacatccatt ctattcattt cagtggacat 4560

gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt 4620

gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt 4680

attggcgagc atctacatgc tgggatgagc acacttttc tggtgtacag caataagtgt 4740

cagactcccc tgggaatggc ttctggacac attagagatt ttcagattac agcttcagga 4800

caatatggac agtgggcccc aaagctggcc agacttcatt attccggatc aatcaatgcc 4860

tggagcacca aggagccctt ttcttggatc aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt 4920

cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag aagttctcca gcctctacat ctctcagttt 4980

atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga 5040

accttaatgg tcttctttgg caatgtggat tcatctggga taaaacacaa tatttttaac 5100

cctccaatta ttgctcgata catccgtttg cacccaactc attatagcat tcgcagcact 5160

cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta aatagttgca gcatgccatt gggaatggag 5220

agtaaagcaa tatcagatgc acagattact gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc 5280

acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct 5340

caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca 5400

ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc 5460

atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag 5520

gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca cctgtggtga actctctaga cccaccgtta 5580

ctgactcgct accttcgaat tcacccccag agttgggtgc accagattgc cctgaggatg 5640

gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct 5700

acccccgagt cagggccagg atcagagcca gccacctccg ggtctgagac acccgggact 5760

tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa 5820

actcccggca caagcgagag cgctacccca gagtcaggac caggaacatc tacagagccc 5880

tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc 5940

tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag 6000

acaccaggca cctctgagtc cgccacacca gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc 6060

cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct ggctctccaa catctactga ggaaggtacc 6120

tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct 6180

ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca 6240

acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc gccacaagtg gtagtgagac accaggatca 6300

gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc ggatctccgg caggctcacc aacctccact 6360

gaggagggca ccagcacaga accaagcgag ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc 6420

agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg gccacaagtg gcagtgagac acccggcact 6480

tcagagagtg ccacccccga gagtggccca ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt 6540

gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 6600

catcatcacc atcaccattg a 6621

<210> 1357

<211> 2203

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1357

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu

405 410 415

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
420 425 430

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
435 440 445

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
450 455 460

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
465 470 475 480

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
485 490 495

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu
500 505 510

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
515 520 525

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
530 535 540

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Gln
545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly
885 890 895
Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
965 970 975
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
995 1000 1005
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1010 1015 1020
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1025 1030 1035
Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln
1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
1055 1060 1065
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
1070 1075 1080
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
1085 1090 1095
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp
1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala
1115 1120 1125
Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu
1130 1135 1140
Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

1310 1315 1320

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1325 1330 1335

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1355 1360 1365

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

1370 1375 1380

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1385 1390 1395
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1400 1405 1410

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1415 1420 1425
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1430 1435 1440
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1445 1450 1455
Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1610 1615 1620

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1625 1630 1635

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1655 1660 1665

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1670 1675 1680

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1685 1690 1695

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1715 1720 1725

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1730 1735 1740

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1775 1780 1785

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1790 1795 1800

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1805 1810 1815

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1835 1840 1845

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1895 1900 1905
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1910 1915 1920
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1955 1960 1965
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1970 1975 1980
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2000 2005 2010

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2015 2020 2025
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2030 2035 2040
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2060 2065 2070

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2075 2080 2085

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2135 2140 2145

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2150 2155 2160

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2165 2170 2175

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2180 2185 2190

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1358

<211> 6612

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1358

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtggc gcgccaacca gtacggagcc gtccgagggg 1260

agcgcaccag gaagcccggc tgggagcccg acttctaccg aagagggtac atctaccgaa 1320

ccaagtgaag gttcagcacc aggcacctca acagaaccct ctgagggctc ggcgcctggt 1380

acaagtgagt ccgccacccc agaatccggg cctgggacaa gcacagaacc ttcggaaggg 1440

agtgcccctg gaacatccga atcggcaacc ccagaatcag ggccaggatc tgagcccgcg 1500

acttcgggct ccgagacgcc tgggacatcc accgagccct ccgaaggatc agccccaggc 1560

accagcacgg agccctctga gggaagcgca cctggtacca gcgaaagcgc aactcccgaa 1620

tcaggtcccg gtacgagcga gtcggcgacc ccggagagcg ggccaggtgc ctcgagccaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400
gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760

cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820
cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880
accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940
cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000
gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060
gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120
ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccgg cgcgccaggt 3960
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 4020

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 4080

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 4140

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 4200

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 4260

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 4320

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 4380

ggctcccctg cctcgagcac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag 5700

tcagggccag gatcagagcc agccacctcc gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt 5760

gccacccctg agtccggacc cgggtccgag cccgccactt ccggctccga aactcccggc 5820

acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc 5880

tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc 5940

gccacacccg aatcagggcc agggtctgag cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc 6000

acctctgagt ccgccacacc agagtccgga cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc 6060

actgaggagg gatctcctgc tggctctcca acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag 6120

ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga 6180

acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt cccgggactt cagaatcagc aacacccgag 6240

tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct 6300

acctcagggt cagagacacc cggatctccg gcaggctcac caacctccac tgaggagggc 6360

accagcacag aaccaagcga gggctccgca cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt 6420

tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt 6480

gccacccccg agagtggccc aggcactagt accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc 6540

tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 6600

catcaccatt ga 6612

<210> 1359

<211> 2095

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1359

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Gly Ala Pro Gly
180 185 190
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
195 200 205
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
210 215 220

Glu Thr Pro Ala Ser Ser Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu
225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
245 250 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys
260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285

Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu
325 330 335

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350

His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val
355 360 365
Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu
370 375 380
Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val
385 390 395 400
Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val
405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu
420 425 430
Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser
435 440 445
Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys
450 455 460
Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr
465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr
485 490 495
Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
500 505 510
Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu
515 520 525
Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu
545 550 555 560
Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
565 570 575
Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

610 615 620

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro

625 630 635 640

Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

805 810 815

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

820 825 830

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
835 840 845
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
850 855 860

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
865 870 875 880
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
885 890 895
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
900 905 910
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
915 920 925

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His
930 935 940
Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
945 950 955 960
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
965 970 975
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
980 985 990

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
995 1000 1005
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly
1010 1015 1020
Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp
1025 1030 1035
Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His
1040 1045 1050

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn
1055 1060 1065
Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe

1070 1075 1080

Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala

1085 1090 1095

Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr

1100 1105 1110

Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe

1115 1120 1125

Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys

1130 1135 1140

Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

1145 1150 1155

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1160 1165 1170

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1175 1180 1185

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Thr Ser

1190 1195 1200

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1205 1210 1215

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1220 1225 1230

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1235 1240 1245

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1265 1270 1275

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1295 1300 1305

```
Gly Ser  Pro Ala Gly Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser
    1310                 1315                 1320
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Thr Ser  Thr Glu Pro
    1325                 1330                 1335
Ser Glu  Gly Ser Ala Pro Gly  Ala Ser Ser Ala Pro  Cys Asn Ile
    1340                 1345                 1350

Gln Met  Glu Asp Pro Thr Phe  Lys Glu Asn Tyr Arg  Phe His Ala
    1355                 1360                 1365
Ile Asn  Gly Tyr Ile Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala
    1370                 1375                 1380
Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1385                 1390                 1395
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1400                 1405                 1410

Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1415                 1420                 1425
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1430                 1435                 1440
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1445                 1450                 1455
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1460                 1465                 1470

Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
    1475                 1480                 1485
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1490                 1495                 1500
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1505                 1510                 1515
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1520                 1525                 1530

Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
```

1535 1540 1545

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1550 1555 1560

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1565 1570 1575

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1580 1585 1590

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1595 1600 1605

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1610 1615 1620

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1625 1630 1635

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1640 1645 1650

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1655 1660 1665

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1670 1675 1680

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1685 1690 1695

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1700 1705 1710

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1715 1720 1725

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1730 1735 1740

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1745 1750 1755

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1760 1765 1770

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1775 1780 1785
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1790 1795 1800
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1805 1810 1815
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1820 1825 1830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1835 1840 1845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1850 1855 1860
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1865 1870 1875
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1895 1900 1905
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1910 1915 1920
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1925 1930 1935
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1955 1960 1965
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1970 1975 1980
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
2015 2020 2025
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2030 2035 2040
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser
2060 2065 2070

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
2075 2080 2085
Gly His His His His His His
2090 2095

<210> 1360

<211> 6288

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1360

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 600

acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 660

acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cggcgcgcca agtcccgctg gaagcccaac tagcaccgaa 2400

gaggggacct cagagtccgc caccccgag tccggccctg gctctgagcc tgccactagc 2460

ggctccgaga ctcctggcac atccgaaagc gctacacccg agagtggacc cggcacctct 2520

accgagccca gtgagggctc cgcccctgga acaagcaccg agcccagcga aggcagcgcc 2580

ccagggacct ccacagagcc cagtgaaggc agtgctcctg gcaccagcac cgaaccaagc 2640

gagggctctg cacccgggac ctccaccgag ccaagcgaag gctctgcccc tggcacttcc 2700

accgagccca gcgaaggcag cgcccctggg agccccgctg gctctcccac cagcactgag 2760

gagggcacat ctaccgaacc aagtgaaggc tctgcaccag gtgcctcgag cccaccagtc 2820

ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt actactcttc agtcagatca agaggaaatc 2880

gattatgatg ataccatatc agttgaaatg aagaaggaag attttgacat ttatgatgag 2940

gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa aagaaaacac gacactattt tattgctgca 3000

gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt agctccccac atgttctaag aaacagggct 3060

cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc 3120

tttactcagc ccttataccg tggagaacta aatgaacatt tgggactcct ggggccatat 3180

ataagagcag aagttgaaga taatatcatg gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc 3240

tattccttct attctagcct tatttcttat gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct 3300

agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat 3360

atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac 3420

ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca 3480

ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc 3540

tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg 3600

ccaacgtccg aaagtgctac ccctgagtca ggccctggta gtgagcctgc cacaagcgga 3660

agcgaaactc cggggacctc agagtctgcc actcccgaat cggggccagg ctctgaaccg 3720

gccacttcag ggagcgaaac accaggaaca tcggagagcg ctaccccgga gagcgggcca 3780

ggaactagta ctgagcctag cgagggaagt gcacctggta caagcgagtc cgccacaccc 3840

gagtctggcc ctggctctcc agcgggctca cccacgagca ctgaagaggg ctctcccgct 3900

ggcagcccaa cgtcgacaga agaaggatca ccagcaggct cccccacatc aacagaggag 3960

ggtacatcag aatctgctac tcccgagagt ggacccggta cctccactga gcccagcgag 4020

gggagtgcac caggtgcctc gagcgctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 4080

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 4140

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 4200

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 4260

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 4320

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 4380

cttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 4440
agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 4500
cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 4560
gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 4620
ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 4680
cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 4740
tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 4800

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 4860
agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4920
tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4980
caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 5040
gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 5100
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 5160
ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 5220

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 5280
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 5340
ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc 5400
acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg 5460
tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag 5520
tcaggaccag gaacatctac agagccctct gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc 5580
agtcccacta gcaccgagga gggaacctct gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg 5640

tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag 5700
tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc acctccactg aggagggatc tcctgctggc 5760
tctccaacat ctactgagga aggtacctca accgagccat ccgagggatc agctcccggc 5820
acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag 5880
tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc 5940
acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa cctgctacct cagggtcaga gacacccgga 6000
tctccggcag gctcaccaac ctccactgag gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc 6060

tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt gagggttcag cacccggctc tgagccggcc 6120

acaagtggca gtgagacacc cggcacttca gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc 6180

actagtaccg agccctctga aggcagtgcg ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca 6240

gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat catcaccatc accattga 6288

<210> 1361

<211> 2095

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1361

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
595 600 605
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
610 615 620
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser
625 630 635 640
Ser Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

805 810 815

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

820 825 830

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

835 840 845

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

850 855 860

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

865 870 875 880

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

885 890 895

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

900 905 910

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

915 920 925

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His

930 935 940

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

945 950 955 960

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

965 970 975

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

980 985 990

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

995 1000 1005

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

1010 1015 1020

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp

1025 1030 1035

Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His

1040 1045 1050

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn

1055 1060 1065

Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe

1070 1075 1080

Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala

1085 1090 1095

Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr

1100 1105 1110

Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe

1115 1120 1125

Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys

1130 1135 1140

Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

1145 1150 1155

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1160 1165 1170

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1175 1180 1185

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Thr Ser

1190 1195 1200

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1205 1210 1215

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1220 1225 1230

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1235 1240 1245

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1265 1270 1275

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1295 1300 1305

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1310 1315 1320

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1325 1330 1335

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile

1340 1345 1350

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1355 1360 1365

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1370 1375 1380

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1385 1390 1395

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1400 1405 1410

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1415 1420 1425

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1430 1435 1440

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1445 1450 1455

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1460 1465 1470

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1475 1480 1485

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1490 1495 1500

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1505 1510 1515

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1520 1525 1530

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1535 1540 1545

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1550 1555 1560

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1565 1570 1575

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1580 1585 1590

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1595 1600 1605

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1610 1615 1620

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1625 1630 1635

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1640 1645 1650

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1655 1660 1665

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1670 1675 1680

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1685 1690 1695

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1700 1705 1710

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1715 1720 1725

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1730 1735 1740

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1745 1750 1755

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1760 1765 1770

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1805 1810 1815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1835 1840 1845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1865 1870 1875

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1910 1915 1920

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1955 1960 1965

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1970 1975 1980

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

2015 2020 2025

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2030 2035 2040

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

2060 2065 2070

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

2075 2080 2085

Gly His His His His His His

2090 2095

<210> 1362

<211> 6288

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1362

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctggc 1800

gcgccaggtt ctcctgctgg ctccccccacc tcaacagaag aggggacaag cgaaagcgct 1860

acgcctgaga gtggccctgg ctctgagcca gccacctccg gctctgaaac ccctgcctcg 1920

agcggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cggcgcgcca agtcccgctg gaagcccaac tagcaccgaa 2400

gaggggacct cagagtccgc caccccgag tccggccctg gctctgagcc tgccactagc 2460

ggctccgaga ctcctggcac atccgaaagc gctacacccg agagtggacc cggcacctct 2520

accgagccca gtgagggctc cgcccctgga acaagcaccg agcccagcga aggcagcgcc 2580

ccagggacct ccacagagcc cagtgaaggc agtgctcctg gcaccagcac cgaaccaagc 2640

gagggctctg cacccgggac ctccaccgag ccaagcgaag gctctgcccc tggcacttcc 2700

accgagccca gcgaaggcag cgcccctggg agccccgctg gctctcccac cagcactgag 2760

gagggcacat ctaccgaacc aagtgaaggc tctgcaccag gtgcctcgag cccaccagtc 2820

ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt actactcttc agtcagatca agaggaaatc 2880

gattatgatg ataccatatc agttgaaatg aagaaggaag attttgacat ttatgatgag 2940

gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa aagaaaacac gacactattt tattgctgca 3000

gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt agctccccac atgttctaag aaacagggct 3060

cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc 3120

tttactcagc ccttataccg tggagaacta aatgaacatt tgggactcct ggggccatat 3180

ataagagcag aagttgaaga taatatcatg gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc 3240

tattccttct attctagcct tatttcttat gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct 3300

agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat 3360

atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac 3420

ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt ggacccctc tggtctgcca cactaacaca 3480

ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc 3540

tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg 3600

ccaacgtccg aaagtgctac ccctgagtca ggccctggta gtgagcctgc cacaagcgga 3660

agcgaaactc cggggacctc agagtctgcc actcccgaat cggggccagg ctctgaaccg 3720

gccacttcag ggagcgaaac accaggaaca tcggagagcg ctaccccgga gagcgggcca 3780

ggaactagta ctgagcctag cgagggaagt gcacctggta caagcgagtc cgccacaccc 3840

gagtctggcc ctggctctcc agcgggctca cccacgagca ctgaagaggg ctctcccgct 3900

ggcagcccaa cgtcgacaga agaaggatca ccagcaggct cccccacatc aacagaggag 3960

ggtacatcag aatctgctac tcccgagagt ggacccggta cctccactga gcccagcgag 4020

gggagtgcac caggtgcctc gagcgctccc tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt 4080

aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat ggctacataa tggatacact acctggctta 4140

gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac 4200

atccattcta ttcatttcag tggacatgtg ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa 4260

atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa 4320

gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca 4380

ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag actcccctgg gaatggcttc tggacacatt 4440

agagattttc agattacagc ttcaggacaa tatggacagt gggccccaaa gctggccaga 4500

cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg agcaccaagg agccctttc ttggatcaag 4560

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 4620

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 4680

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 4740

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 4800

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 4860

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4920

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4980

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 5040

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 5100
accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 5160
ctctttttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 5220
gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 5280
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 5340
ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc 5400
acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg 5460

tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag 5520
tcaggaccag gaacatctac agagccctct gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc 5580
agtcccacta gcaccgagga gggaacctct gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg 5640
tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag 5700
tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc acctccactg aggagggatc tcctgctggc 5760
tctccaacat ctactgagga aggtacctca accgagccat ccgagggatc agctcccggc 5820
acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag 5880

tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc 5940
acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa cctgctacct cagggtcaga gacacccgga 6000
tctccggcag gctcaccaac ctccactgag gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc 6060
tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt gagggttcag cacccggctc tgagccggcc 6120
acaagtggca gtgagacacc cggcacttca gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc 6180
actagtaccg agccctctga aggcagtgcg ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca 6240
gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat catcaccatc accattga 6288

<210> 1363
<211> 2095
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1363
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

```
        755                 760                 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
    770                 775                 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785                 790                 795                 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
                805                 810                 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
            820                 825                 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
        835                 840                 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
    850                 855                 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865                 870                 875                 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
                885                 890                 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
            900                 905                 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
        915                 920                 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
    930                 935                 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945                 950                 955                 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
                965                 970                 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
            980                 985                 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu Tyr Arg  Gly Glu Leu
        995                 1000                1005
```

```
Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr Ile Arg  Ala Glu Val
    1010                1015                1020
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050
Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065

Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110
Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125

Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1145                1150                1155
Pro Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1160                1165                1170
Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1175                1180                1185

Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1190                1195                1200
Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1205                1210                1215
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
    1220                1225                1230
Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
```

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1250 1255 1260
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1265 1270 1275
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1280 1285 1290
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470

```
Phe Gly  Ala Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu
    1475                 1480                 1485

Glu Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1490                 1495                 1500
Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Ala Ser  Ser Ser Trp
    1505                 1510                 1515
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1520                 1525                 1530
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1535                 1540                 1545

Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1550                 1555                 1560
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1565                 1570                 1575
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1580                 1585                 1590
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1595                 1600                 1605

Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1610                 1615                 1620
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1625                 1630                 1635
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1640                 1645                 1650
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg
    1655                 1660                 1665

Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
    1670                 1675                 1680
Lys Thr  Met Lys Val Thr Gly  Val Thr Thr Gln Gly  Val Lys Ser
    1685                 1690                 1695
Leu Leu  Thr Ser Met Tyr Val  Lys Glu Phe Leu Ile  Ser Ser Ser
```

1700 1705 1710

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1715 1720 1725

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1730 1735 1740

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1745 1750 1755

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1760 1765 1770

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1805 1810 1815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1835 1840 1845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1865 1870 1875

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1910 1915 1920

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1955 1960 1965

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1970 1975 1980
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
2000 2005 2010
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
2015 2020 2025

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2030 2035 2040
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser
2060 2065 2070
Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
2075 2080 2085

Gly His His His His His His
2090 2095

<210> 1364

<211> 6288

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1364

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct ttggcgcgcc aggttctcct 4440

gctggctccc ccacctcaac agaagagggg acaagcgaaa gcgctacgcc tgagagtggc 4500

cctggctctg agccagccac ctccggctct gaaacccctg cctcgagctc ttggatcaag 4560

gtggatctgt tggcaccaat gattattcac ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag 4620

ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg 4680

cagacttatc gaggaaattc cactggaacc ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca 4740

tctgggataa aacacaatat ttttaaccct ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac 4800

ccaactcatt atagcattcg cagcactctt cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat 4860

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4920

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4980

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 5040

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 5100

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 5160

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 5220

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 5280

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 5340

ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc 5400

acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg 5460

tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag 5520

tcaggaccag gaacatctac agagccctct gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc 5580

agtcccacta gcaccgagga gggaacctct gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg 5640

tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag 5700

tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc acctccactg aggagggatc tcctgctggc 5760
tctccaacat ctactgagga aggtacctca accgagccat ccgagggatc agctcccggc 5820
acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag 5880
tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc 5940
acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa cctgctacct cagggtcaga gacacccgga 6000
tctccggcag gctcaccaac ctccactgag gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc 6060
tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt gagggttcag cacccggctc tgagccggcc 6120

acaagtggca gtgagacacc cggcacttca gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc 6180
actagtaccg agccctctga aggcagtgcg ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca 6240
gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat catcaccatc accattga 6288

<210> 1365

<211> 2095

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1365

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1160 1165 1170
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1175 1180 1185
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1190 1195 1200
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1220 1225 1230
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1235 1240 1245
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1250 1255 1260
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1280 1285 1290
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320

```
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1325                1330                1335

Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1340                1345                1350
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1355                1360                1365
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
    1385                1390                1395

Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1400                1405                1410
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                1420                1425
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                1435                1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                1450                1455

Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                1465                1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                1480                1485
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                1495                1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                1510                1515

Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                1525                1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                1540                1545
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
```

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Gly

1565 1570 1575

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1580 1585 1590

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1595 1600 1605

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Asn Ser Cys Ser

1610 1615 1620

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1625 1630 1635

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1640 1645 1650

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1655 1660 1665

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1670 1675 1680

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1685 1690 1695

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1700 1705 1710

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1715 1720 1725

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1730 1735 1740

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1745 1750 1755

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1760 1765 1770

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1790 1795 1800
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1805 1810 1815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1820 1825 1830
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1835 1840 1845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1850 1855 1860
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1865 1870 1875

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1880 1885 1890
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1895 1900 1905
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1910 1915 1920
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1940 1945 1950
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1955 1960 1965
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1970 1975 1980
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
2000 2005 2010
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

2015 2020 2025

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2030 2035 2040

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

2060 2065 2070

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

2075 2080 2085

Gly His His His His His His

2090 2095

<210> 1366

<211> 6288

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1366

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aggcgcgcca 4740

ggttctcctg ctggctcccc cacctcaaca gaagagggga caagcgaaag cgctacgcct 4800

gagagtggcc ctggctctga gccagccacc tccggctctg aaaacccctgc ctcgagcaat 4860

agttgcagca tgccattggg aatggagagt aaagcaatat cagatgcaca gattactgct 4920

tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc 4980

caagggagga gtaatgcctg gagacctcag gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg 5040

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 5100

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 5160

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 5220

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 5280

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 5340

ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc 5400

acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg 5460

tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag 5520

tcaggaccag gaacatctac agagccctct gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc 5580

agtcccacta gcaccgagga gggaacctct gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg 5640

tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag 5700

tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc acctccactg aggagggatc tcctgctggc 5760

tctccaacat ctactgagga aggtacctca accgagccat ccgagggatc agctcccggc 5820

acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag 5880

tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc 5940

acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa cctgctacct cagggtcaga gacacccgga 6000

tctccggcag gctcaccaac ctccactgag gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc 6060

tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt gagggttcag cacccggctc tgagccggcc 6120

acaagtggca gtgagacacc cggcacttca gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc 6180

actagtaccg agccctctga aggcagtgcg ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca 6240

gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat catcaccatc accattga 6288

<210> 1367

<211> 2095

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1367

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1160 1165 1170

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1175 1180 1185

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1190 1195 1200

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1235 1240 1245

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Gly Ala Pro Gly Ser

1625 1630 1635

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1640 1645 1650

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1655 1660 1665

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1670 1675 1680

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1685 1690 1695

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1700 1705 1710

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1715 1720 1725

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1730 1735 1740

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1745 1750 1755

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1760 1765 1770

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1805 1810 1815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1835 1840 1845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1865 1870 1875

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1910 1915 1920

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1955 1960 1965

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1970 1975 1980

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1985 1990 1995

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

2015 2020 2025

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2030 2035 2040

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2045 2050 2055

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

2060 2065 2070

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

2075 2080 2085

Gly His His His His His His

2090 2095

<210> 1368

<211> 6288

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1368

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag gcgcgccagg ttctcctgct 4920

ggctccccca cctcaacaga agaggggaca agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct 4980

ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa acccctgcct cgagcgagtg gctgcaagtg 5040

gacttccaga agacaatgaa agtcacagga gtaactactc agggagtaaa atctctgctt 5100

accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc tccagcagtc aagatggcca tcagtggact 5160

ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 5220

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 5280

tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 5340

ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc 5400

acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg 5460

tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag 5520

tcaggaccag gaacatctac agagccctct gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc 5580

agtcccacta gcaccgagga gggaacctct gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg 5640

tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag 5700

tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc acctccactg aggagggatc tcctgctggc 5760

tctccaacat ctactgagga aggtacctca accgagccat ccgagggatc agctcccggc 5820

acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag 5880

tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc 5940

acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa cctgctacct cagggtcaga gacacccgga 6000

tctccggcag gctcaccaac ctccactgag gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc 6060

tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt gagggttcag cacccggctc tgagccggcc 6120

acaagtggca gtgagacacc cggcacttca gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc 6180

actagtaccg agccctctga aggcagtgcg ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca 6240

gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat catcaccatc accattga 6288

<210> 1369

<211> 2095

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1369

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

```
Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn Gln Ala  Ser Arg Pro
    1025                1030                1035
Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr Glu Glu  Asp Gln Arg
    1040                1045                1050

Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val Lys Pro  Asn Glu Thr
    1055                1060                1065
Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His Met Ala  Pro Thr Lys
    1070                1075                1080
Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr Phe Ser  Asp Val Asp
    1085                1090                1095
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1145                1150                1155
Pro Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu
    1160                1165                1170

Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala
    1175                1180                1185
Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Ser Glu Pro Ala Thr  Ser Gly Ser
    1190                1195                1200
Glu Thr  Pro Gly Thr Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro
    1205                1210                1215
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Thr Ser
    1220                1225                1230

Glu Ser  Ala Thr Pro Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Pro  Ala Gly Ser
    1235                1240                1245
Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser
```

1250 1255 1260

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1595 1600 1605
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1610 1615 1620
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1625 1630 1635
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1655 1660 1665
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1670 1675 1680
Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1685 1690 1695
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1700 1705 1710

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Gly Lys Val

1715 1720 1725

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1730 1735 1740

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1745 1750 1755

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1760 1765 1770

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1775 1780 1785

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1790 1795 1800

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1805 1810 1815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1820 1825 1830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1835 1840 1845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1865 1870 1875

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1880 1885 1890

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1910 1915 1920

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1925 1930 1935

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1940 1945 1950

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1955 1960 1965
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1970 1975 1980
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1985 1990 1995
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
2000 2005 2010

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
2015 2020 2025
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2030 2035 2040
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2045 2050 2055
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser
2060 2065 2070

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
2075 2080 2085
Gly His His His His His His
2090 2095

<210> 1370
<211> 6288
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1370

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg 3480

tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa 3540

actccgggga cctcagagtc tgccactccc gaatcggggc caggctctga accggccact 3600

tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact 3660

agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct 3720

ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg agcactgaag agggctctcc cgctggcagc 3780

ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca ggctccccca catcaacaga ggagggtaca 3840

tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt 3900

gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 5100
agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 5160
acccctgcct cgagcggcaa agtaaaggtt tttcagggaa atcaagactc cttcacacct 5220

gtggtgaact ctctagaccc accgttactg actcgctacc ttcgaattca cccccagagt 5280
tgggtgcacc agattgccct gaggatggag gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac 5340
ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc 5400
acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg 5460
tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag 5520
tcaggaccag gaacatctac agagccctct gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc 5580
agtcccacta gcaccgagga gggaacctct gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg 5640

tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag 5700

tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc acctccactg aggagggatc tcctgctggc 5760

tctccaacat ctactgagga aggtacctca accgagccat ccgagggatc agctcccggc 5820

acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag 5880

tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc 5940

acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa cctgctacct cagggtcaga gacacccgga 6000

tctccggcag gctcaccaac ctccactgag gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc 6060

tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt gagggttcag cacccggctc tgagccggcc 6120

acaagtggca gtgagacacc cggcacttca gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc 6180

actagtaccg agccctctga aggcagtgcg ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca 6240

gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat catcaccatc accattga 6288

<210> 1371

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1371

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
20 25 30

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
35 40 45

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly
50 55 60

Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe

65 70 75 80

Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe
85 90 95

Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly
100 105 110

Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile
115 120 125
Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly

130 135 140
Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr
145 150 155 160
Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His
165 170 175
Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp
180 185 190
Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys

195 200 205
Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
210 215 220
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu
225 230 235 240
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
245 250 255
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys

260 265 270
Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
275 280 285
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
290 295 300
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
305 310 315 320
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu

325 330 335
Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
340 345 350
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val

355 360 365

Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu

370 375 380

Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val

385 390 395 400

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val

405 410 415

Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu

420 425 430

Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser

435 440 445

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr

465 470 475 480

Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr

485 490 495

Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser

500 505 510

Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro

530 535 540

Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

545 550 555 560

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser

565 570 575

Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile

595 600 605

Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
660 665 670
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
675 680 685
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
690 695 700
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720
Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn
725 730 735
Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser
740 745 750
Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile
755 760 765
Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780
Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
805 810 815
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
820 825 830
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

835 840 845
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

850 855 860

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

865 870 875 880

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

885 890 895

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

900 905 910

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

915 920 925

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His

930 935 940

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

945 950 955 960

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

965 970 975

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

980 985 990

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

995 1000 1005

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

1010 1015 1020

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp

1025 1030 1035

Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His

1040 1045 1050

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn

1055 1060 1065

Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe

1070 1075 1080

Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala

1085 1090 1095

Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr
1100 1105 1110
Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe
1115 1120 1125
Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys
1130 1135 1140
Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

1145 1150 1155
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1160 1165 1170
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1175 1180 1185
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1190 1195 1200
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1220 1225 1230
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1235 1240 1245
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1250 1255 1260
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1280 1285 1290
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1295 1300 1305
Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1310 1315 1320
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1505 1510 1515

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1520 1525 1530

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1625 1630 1635

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1655 1660 1665

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1670 1675 1680

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1685 1690 1695

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1700 1705 1710

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1715 1720 1725

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1745 1750 1755

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1760 1765 1770

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1805 1810 1815

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1820 1825 1830

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1880 1885 1890

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

1925 1930 1935

Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1372

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1372

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg 120

cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc 180

agtgatctcg gtgagctgcc tgtggacgca agatttcctc ctagagtgcc aaaatctttt 240

ccattcaaca cctcagtcgt gtacaaaaag actctgtttg tagaattcac ggatcacctt 300

ttcaacatcg ctaagccaag gccaccctgg atgggtctgc taggtcctac catccaggct 360

gaggtttatg atacagtggt cattacactt aagaacatgg cttcccatcc tgtcagtctt 420

catgctgttg gtgtatccta ctggaaagct tctgagggag ctgaatatga tgatcagacc 480

agtcaaaggg agaaagaaga tgataaagtc ttccctggtg gaagccatac atatgtctgg 540

caggtcctga aagagaatgg tccaatggcc tctgacccac tgtgccttac ctactcatat 600

ctttctcatg tggacctggt aaaagacttg aattcaggcc tcattggagc cctactagta 660

tgtagagaag ggagtctggc caaggaaaag acacagacct tgcacaaatt tatactactt 720

tttgctgtat ttgatgaagg gaaaagttgg cactcagaaa caaagaactc cttgatgcag 780

gatagggatg ctgcatctgc tcgggcctgg cctaaaatgc acacagtcaa tggttatgta 840

aacaggtctc tgccaggtct gattggatgc cacaggaaat cagtctattg gcatgtgatt 900

ggaatgggca ccactcctga agtgcactca atattcctcg aaggtcacac atttcttgtg 960

aggaaccatc gccaggctag cttggaaatc tcgccaataa ctttccttac tgctcaaaca 1020

ctcttgatgg accttggaca gtttctactg ttttgtcata tctcttccca ccaacatgat 1080

ggcatggaag cttatgtcaa agtagacagc tgtccagagg aaccccaact acgaatgaaa 1140

aataatgaag aagcggaaga ctatgatgat gatcttactg attctgaaat ggatgtggtc 1200

aggtttgatg atgacaactc tccttccttt atccaaattc gctcagttgc caagaagcat 1260

cctaaaactt gggtacatta cattgctgct gaagaggagg actgggacta tgctccctta 1320

gtcctcgccc ccgatgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cggcgcgcca agtcccgctg gaagcccaac tagcaccgaa 2400

gaggggacct cagagtccgc caccccgag tccggccctg gctctgagcc tgccactagc 2460

ggctccgaga ctcctggcac atccgaaagc gctacacccg agagtggacc cggcacctct 2520

accgagccca gtgagggctc cgcccctgga acaagcaccg agcccagcga aggcagcgcc 2580

ccagggacct ccacagagcc cagtgaaggc agtgctcctg gcaccagcac cgaaccaagc 2640

gagggctctg cacccgggac ctccaccgag ccaagcgaag gctctgcccc tggcacttcc 2700

accgagccca gcgaaggcag cgcccctggg agccccgctg gctctcccac cagcactgag 2760

gagggcacat ctaccgaacc aagtgaaggc tctgcaccag gtgcctcgag cccaccagtc 2820

ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt actactcttc agtcagatca agaggaaatc 2880

gattatgatg ataccatatc agttgaaatg aagaaggaag attttgacat ttatgatgag 2940

gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa aagaaaacac gacactattt tattgctgca 3000

gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt agctccccac atgttctaag aaacagggct 3060

cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc 3120

tttactcagc ccttataccg tggagaacta aatgaacatt tgggactcct ggggccatat 3180

ataagagcag aagttgaaga taatatcatg gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc 3240

tattccttct attctagcct tatttcttat gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct 3300

agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat 3360

atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac 3420

ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt ggacccctc tggtctgcca cactaacaca 3480

ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc 3540

tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020
tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080
agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140
ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200
atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260
ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320
ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440
aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500
tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560
gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620
gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680
tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740
tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860
gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc 4920
cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc 4980
gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact 5040
cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag tcaggaccag gaacatctac agagccctct 5100
gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc agtcccacta gcaccgagga gggaacctct 5160
gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca 5220

ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc 5280
acctccactg aggagggatc tcctgctggc tctccaacat ctactgagga aggtacctca 5340
accgagccat ccgagggatc agctcccggc acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga 5400
cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca 5460
cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa 5520
cctgctacct cagggtcaga gacacccgga tctccggcag gctcaccaac ctccactgag 5580
gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt 5640

gagggttcag cacccggctc tgagccggcc acaagtggca gtgagacacc cggcacttca 5700

gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc actagtaccg agccctctga aggcagtgcg 5760

ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1373

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1373

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

405 410 415

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
420 425 430
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser
435 440 445
Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys

450 455 460
Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr
465 470 475 480
Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr
485 490 495
Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
500 505 510
Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu

515 520 525
Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
530 535 540
Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu
545 550 555 560
Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
565 570 575
Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

580 585 590
Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
595 600 605
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
610 615 620
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
625 630 635 640
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met

645 650 655
His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys

660 665 670

Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr

675 680 685

Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

690 695 700

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

705 710 715 720

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

725 730 735

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

740 745 750

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

755 760 765

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

770 775 780

Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

805 810 815

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

820 825 830

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

835 840 845

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

850 855 860

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

865 870 875 880

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

885 890 895

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

900 905 910

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

915 920 925

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His

930 935 940

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

945 950 955 960

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

965 970 975

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

980 985 990

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

995 1000 1005

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

1010 1015 1020

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp

1025 1030 1035

Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His

1040 1045 1050

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn

1055 1060 1065

Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe

1070 1075 1080

Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala

1085 1090 1095

Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr

1100 1105 1110

Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe

1115 1120 1125

Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys

1130 1135 1140

Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

1145 1150 1155

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1160 1165 1170

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1175 1180 1185

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1220 1225 1230

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1505 1510 1515

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1520 1525 1530

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1625 1630 1635

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1655 1660 1665

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1670 1675 1680

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1685 1690 1695

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1700 1705 1710

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1715 1720 1725

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1745 1750 1755

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1760 1765 1770

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1805 1810 1815

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1820 1825 1830

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1880 1885 1890

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

1925 1930 1935

Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1374

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1374

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg ttctcctgct ggctccccca cctcaacaga agaggggaca 1260

agcgaaagcg ctacgcctga gagtggccct ggctctgagc cagccacctc cggctctgaa 1320

acccctgcct cgagcgacag aagttataaa agtcaatatt tgaacaatgg ccctcagcgg 1380

attggtagga agtacaaaaa agtccgattt atggcataca cagatgaaac ctttaagact 1440

cgtgaagcta ttcagcatga atcaggaatc ttgggacctt tactttatgg ggaagttgga 1500

gacacactgt tgattatatt taagaatcaa gcaagcagac catataacat ctaccctcac 1560

ggaatcactg atgtccgtcc tttgtattca aggagattac caaaaggtgt aaaacatttg 1620

aaggattttc caattctgcc aggagaaata ttcaaatata aatggacagt gactgtagaa 1680

gatgggccaa ctaaatcaga tcctcggtgc ctgacccgct attactctag tttcgttaat 1740

atggagagag atctagcttc aggactcatt ggccctctcc tcatctgcta caaagaatct 1800

gtagatcaaa gaggaaacca gataatgtca gacaagagga atgtcatcct gttttctgta 1860

tttgatgaga accgaagctg gtacctcaca gagaatatac aacgctttct ccccaatcca 1920

gctggagtgc agcttgagga tccagagttc caagcctcca acatcatgca cagcatcaat 1980

ggctatgttt ttgatagttt gcagttgtca gtttgtttgc atgaggtggc atactggtac 2040

attctaagca ttggagcaca gactgacttc ctttctgtct tcttctctgg atataccttc 2100

aaacacaaaa tggtctatga agacacactc accctattcc cattctcagg agaaactgtc 2160

ttcatgtcga tggaaaaccc aggtctatgg attctggggt gccacaactc agactttcgg 2220

aacagaggca tgaccgcctt actgaaggtt tctagttgtg acaagaacac tggtgattat 2280

tacgaggaca gttatgaaga tatttcagca tacttgctga gtaaaaacaa tgccattgaa 2340

ccaagaagct tctctcaaaa cggcgcgcca agtcccgctg gaagcccaac tagcaccgaa 2400

gaggggacct cagagtccgc caccccgag tccggccctg gctctgagcc tgccactagc 2460

ggctccgaga ctcctggcac atccgaaagc gctacacccg agagtggacc cggcacctct 2520

accgagccca gtgagggctc cgcccctgga acaagcaccg agcccagcga aggcagcgcc 2580

ccagggacct ccacagagcc cagtgaaggc agtgctcctg gcaccagcac cgaaccaagc 2640

gagggctctg cacccgggac ctccaccgag ccaagcgaag gctctgcccc tggcacttcc 2700

accgagccca gcgaaggcag cgcccctggg agccccgctg gctctcccac cagcactgag 2760

gagggcacat ctaccgaacc aagtgaaggc tctgcaccag gtgcctcgag cccaccagtc 2820

ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt actactcttc agtcagatca agaggaaatc 2880

gattatgatg ataccatatc agttgaaatg aagaaggaag attttgacat ttatgatgag 2940

gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa aagaaaacac gacactattt tattgctgca 3000

gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt agctccccac atgttctaag aaacagggct 3060

cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc 3120

tttactcagc ccttataccg tggagaacta aatgaacatt tgggactcct ggggccatat 3180

ataagagcag aagttgaaga taatatcatg gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc 3240

tattccttct attctagcct tatttcttat gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct 3300

agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat 3360

atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac 3420

ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca 3480

ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc 3540

tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact gaaaatatgg aaagaaactg cagggctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020

tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140

ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440
aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500
tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560
gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620
gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680
tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740
tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860
gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc 4920
cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc 4980
gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact 5040
cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag tcaggaccag gaacatctac agagccctct 5100
gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc agtcccacta gcaccgagga gggaacctct 5160
gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca 5220

ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc 5280
acctccactg aggagggatc tcctgctggc tctccaacat ctactgagga aggtacctca 5340
accgagccat ccgagggatc agctcccggc acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga 5400
cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca 5460
cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa 5520
cctgctacct cagggtcaga gacacccgga tctccggcag gctcaccaac ctccactgag 5580
gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt 5640

gagggttcag cacccggctc tgagccggcc acaagtggca gtgagacacc cggcacttca 5700
gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc actagtaccg agccctctga aggcagtgcg 5760
ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820
catcaccatc accattga 5838
<210> 1375
<211> 1948
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1375

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

980 985 990

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

995 1000 1005

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Arg Ala

1010 1015 1020

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1025 1030 1035

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1040 1045 1050

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1055 1060 1065

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1070 1075 1080

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1085 1090 1095

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1100 1105 1110

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1115 1120 1125

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1130 1135 1140

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1145 1150 1155

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1160 1165 1170

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1175 1180 1185

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1190 1195 1200

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1205 1210 1215

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1220 1225 1230

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1235 1240 1245

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1250 1255 1260

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1265 1270 1275

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1280 1285 1290

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1295 1300 1305

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1310 1315 1320

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1325 1330 1335

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1340 1345 1350

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1355 1360 1365

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1370 1375 1380

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1385 1390 1395

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1400 1405 1410

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1415 1420 1425

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1430 1435 1440

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1445 1450 1455

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1460 1465 1470

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1475 1480 1485

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1490 1495 1500

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1505 1510 1515

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1520 1525 1530

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1535 1540 1545

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1550 1555 1560

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1565 1570 1575

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1580 1585 1590

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1595 1600 1605

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1610 1615 1620

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1625 1630 1635

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1640 1645 1650

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1655 1660 1665

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1670 1675 1680

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1685 1690 1695

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1700 1705 1710

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1715 1720 1725

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1730 1735 1740

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1745 1750 1755

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1760 1765 1770

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1775 1780 1785

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1790 1795 1800

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1805 1810 1815

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1820 1825 1830

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1835 1840 1845

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1850 1855 1860

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1865 1870 1875

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1880 1885 1890

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1895 1900 1905

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1910 1915 1920

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1925 1930 1935

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1376

<211> 5847

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1376

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940

gcgccaggtt ctcctgctgg ctcccccacc tcaacagaag aggggacaag cgaaagcgct 3000

acgcctgaga gtggccctgg ctctgagcca gccacctccg gctctgaaac ccctgcctcg 3060

agcagggctc agagtggcag tgtccctcag ttcaagaaag ttgttttcca ggaatttact 3120

gatggctcct ttactcagcc cttataccgt ggagaactaa atgaacattt gggactcctg 3180

gggccatata taagagcaga agttgaagat aatatcatgg taactttcag aaatcaggcc 3240

tctcgtccct attccttcta ttctagcctt atttcttatg aggaagatca gaggcaagga 3300

gcagaaccta gaaaaaactt tgtcaagcct aatgaaacca aaacttactt ttggaaagtg 3360

caacatcata tggcacccac taaagatgag tttgactgca aagcctgggc ttatttctct 3420

gatgttgacc tggaaaaaga tgtgcactca ggcctgattg gaccccttct ggtctgccac 3480

actaacacac tgaaccctgc tcatgggaga caagtgacag tacaggaatt tgctctgttt 3540

ttcaccatct ttgatgagac caaaagctgg tacttcactg aaaatatgga aagaaactgc 3600

agggctccct gcaatatcca gatggaagat cccactttta aagagaatta tcgcttccat 3660

gcaatcaatg gctacataat ggatacacta cctggcttag taatggctca ggatcaaagg 3720

attcgatggt atctgctcag catgggcagc aatgaaaaca tccattctat tcatttcagt 3780

ggacatgtgt tcactgtacg aaaaaaagag gagtataaaa tggcactgta caatctctat 3840

ccaggtgttt ttgagacagt ggaaatgtta ccatccaaag ctggaatttg gcgggtggaa 3900

tgccttattg gcgagcatct acatgctggg atgagcacac tttttctggt gtacagcaat 3960

aagtgtcaga ctcccctggg aatggcttct ggacacatta gagattttca gattacagct 4020

tcaggacaat atggacagtg ggccccaaag ctggccagac ttcattattc cggatcaatc 4080

aatgcctgga gcaccaagga gccctttttct tggatcaagg tggatctgtt ggcaccaatg 4140

attattcacg gcatcaagac ccagggtgcc cgtcagaagt tctccagcct ctacatctct 4200

cagtttatca tcatgtatag tcttgatggg aagaagtggc agacttatcg aggaaattcc 4260

actggaacct taatggtctt ctttggcaat gtggattcat ctgggataaa acacaatatt 4320

tttaaccctc caattattgc tcgatacatc cgtttgcacc caactcatta tagcattcgc 4380

agcactcttc gcatggagtt gatgggctgt gatttaaata gttgcagcat gccattggga 4440

atggagagta aagcaatatc agatgcacag attactgctt catcctactt taccaatatg 4500

tttgccacct ggtctccttc aaaagctcga cttcacctcc aagggaggag taatgcctgg 4560

agacctcagg tgaataatcc aaaagagtgg ctgcaagtgg acttccagaa gacaatgaaa 4620

gtcacaggag taactactca gggagtaaaa tctctgctta ccagcatgta tgtgaaggag 4680

ttcctcatct ccagcagtca agatggccat cagtggactc tctttttca gaatggcaaa 4740

gtaaaggttt ttcagggaaa tcaagactcc ttcacacctg tggtgaactc tctagaccca 4800

ccgttactga ctcgctacct tcgaattcac ccccagagtt gggtgcacca gattgccctg 4860
aggatggagg ttctgggctg cgaggcacag gacctctacg gcgcgccagg tacctcagag 4920
tctgctaccc ccgagtcagg gccaggatca gagccagcca cctccgggtc tgagacaccc 4980
gggacttccg agagtgccac ccctgagtcc ggacccgggt ccgagcccgc cacttccggc 5040
tccgaaactc ccggcacaag cgagagcgct accccagagt caggaccagg aacatctaca 5100
gagccctctg aaggctccgc tccagggtcc ccagccggca gtcccactag caccgaggag 5160
ggaacctctg aaagcgccac acccgaatca gggccagggt ctgagcctgc taccagcggc 5220

agcgagacac caggcacctc tgagtccgcc acaccagagt ccggacccgg atctcccgct 5280
gggagcccca cctccactga ggagggatct cctgctggct ctccaacatc tactgaggaa 5340
ggtacctcaa ccgagccatc cgagggatca gctcccggca cctcagagtc ggcaaccccg 5400
gagtctggac ccggaacttc cgaaagtgcc acaccagagt ccggtcccgg gacttcagaa 5460
tcagcaacac ccgagtccgg ccctgggtct gaacccgcca caagtggtag tgagacacca 5520
ggatcagaac ctgctacctc agggtcagag acacccggat ctccggcagg ctcaccaacc 5580
tccactgagg agggcaccag cacagaacca agcgagggct ccgcacccgg aacaagcact 5640

gaacccagtg agggttcagc acccggctct gagccggcca caagtggcag tgagacaccc 5700
ggcacttcag agagtgccac ccccgagagt ggcccaggca ctagtaccga gccctctgaa 5760
ggcagtgcgc cagcctcgag cgaacaaaaa ctcatctcag aagaggatct gtcacctgca 5820
accggtcatc atcaccatca ccattga 5847

<210> 1377

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1377

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1160 1165 1170

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1175 1180 1185

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile

1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1220 1225 1230

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1505 1510 1515

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1520 1525 1530

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1625 1630 1635

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1655 1660 1665

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1670 1675 1680

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1685 1690 1695

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1700 1705 1710

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1715 1720 1725

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1745 1750 1755

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1760 1765 1770

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1805 1810 1815

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1820 1825 1830

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1850 1855 1860

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1880 1885 1890

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

1925 1930 1935

Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1378

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1378

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 3540

agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagcgctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020

tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140

ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440

aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccag gtacctcaga gtctgctacc 4920

cccgagtcag ggccaggatc agagccagcc acctccgggt ctgagacacc cgggacttcc 4980

gagagtgcca cccctgagtc cggacccggg tccgagcccg ccacttccgg ctccgaaact 5040

cccggcacaa gcgagagcgc taccccagag tcaggaccag gaacatctac agagccctct 5100

gaaggctccg ctccagggtc cccagccggc agtcccacta gcaccgagga gggaacctct 5160

gaaagcgcca cacccgaatc agggccaggg tctgagcctg ctaccagcgg cagcgagaca 5220

ccaggcacct ctgagtccgc cacaccagag tccggacccg gatctcccgc tgggagcccc 5280
acctccactg aggagggatc tcctgctggc tctccaacat ctactgagga aggtacctca 5340
accgagccat ccgagggatc agctcccggc acctcagagt cggcaacccc ggagtctgga 5400
cccggaactt ccgaaagtgc cacaccagag tccggtcccg ggacttcaga atcagcaaca 5460
cccgagtccg gccctgggtc tgaacccgcc acaagtggta gtgagacacc aggatcagaa 5520
cctgctacct cagggtcaga gacacccgga tctccggcag gctcaccaac ctccactgag 5580
gagggcacca gcacagaacc aagcgagggc tccgcacccg gaacaagcac tgaacccagt 5640

gagggttcag cacccggctc tgagccggcc acaagtggca gtgagacacc cggcacttca 5700
gagagtgcca cccccgagag tggcccaggc actagtaccg agccctctga aggcagtgcg 5760
ccagcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820
catcaccatc accattga 5838

<210> 1379

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1379

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

405 410 415

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

420 425 430

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

435 440 445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

450 455 460

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

465 470 475 480

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

485 490 495

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

500 505 510

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

515 520 525

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

530 535 540

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

545 550 555 560

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
595 600 605
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
610 615 620
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
625 630 635 640
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
660 665 670
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
675 680 685
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
690 695 700
Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
725 730 735
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
740 745 750
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
755 760 765
Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
785 790 795 800
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
805 810 815
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

835 840 845

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

865 870 875 880

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

885 890 895

Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

900 905 910

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

915 920 925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

965 970 975

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1010 1015 1020

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1025 1030 1035

Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln

1040 1045 1050

Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1820 1825 1830

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2000 2005 2010

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1380
<211> 6162
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1380

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccaac cagtacggag ccgtccgagg ggagcgcacc aggaagcccg 1260
gctgggagcc cgacttctac cgaagagggt acatctaccg aaccaagtga aggttcagca 1320
ccaggcacct caacagaacc ctctgagggc tcggcgcctg gtacaagtga gtccgccacc 1380
ccagaatccg ggcctgggac aagcacagaa ccttcggaag ggagtgcccc tggaacatcc 1440
gaatcggcaa ccccagaatc agggccagga tctgagcccg cgacttcggg ctccgagacg 1500
cctgggacat ccaccgagcc ctccgaagga tcagccccag gcaccagcac ggagccctct 1560

gagggaagcg cacctggtac cagcgaaagc gcaactcccg aatcaggtcc cggtacgagc 1620
gagtcggcga ccccggagag cgggccaggt gcctcgagcg acagaagtta taaaagtcaa 1680
tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740
tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800
cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860
agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920
ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040
cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100
ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160
aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220
atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280
tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340
ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460
ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520
gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580
tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640
ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc 2700
gctggaagcc caactagcac cgaagagggg acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc 2760
cctggctctg agcctgccac tagcggctcc gagactcctg gcacatccga aagcgctaca 2820

cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc 2880

accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg acctccacag agcccagtga aggcagtgct 2940

cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc 3000

gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc 3060

gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc acatctaccg aaccaagtga aggctctgca 3120

ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact 3180

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1381

<211> 2056

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1381

```
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1               5                  10                  15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
            20                  25                  30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
```

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly
740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

980 985 990

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

995 1000 1005

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1010 1015 1020

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1025 1030 1035

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1040 1045 1050

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1055 1060 1065

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1070 1075 1080

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1085 1090 1095

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1100 1105 1110

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1115 1120 1125

Ser Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val

1130 1135 1140

Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg

1145 1150 1155

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

1160 1165 1170

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu

1190 1195 1200

Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro

1205 1210 1215

```
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1220                1225                1230
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
    1235                1240                1245

Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser Gly Leu  Ile Gly Pro
    1250                1255                1260
Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn Pro Ala  His Gly Arg
    1265                1270                1275
Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe Phe Thr  Ile Phe Asp
    1280                1285                1290
Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn Met Glu  Arg Asn Cys
    1295                1300                1305

Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp Pro Thr  Phe Lys Glu
    1310                1315                1320
Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr Ile Met  Asp Thr Leu
    1325                1330                1335
Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg Ile Arg  Trp Tyr Leu
    1340                1345                1350
Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His Ser Ile  His Phe Ser
    1355                1360                1365

Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu Glu Tyr  Lys Met Ala
    1370                1375                1380
Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu Thr Val  Glu Met Leu
    1385                1390                1395
Pro Ser  Lys Ala Gly Ile Trp  Arg Val Glu Cys Leu  Ile Gly Glu
    1400                1405                1410
His Leu  His Ala Gly Met Ser  Thr Leu Phe Leu Val  Tyr Ser Asn
    1415                1420                1425

Lys Cys  Gln Thr Pro Leu Gly  Met Ala Ser Gly His  Ile Arg Asp
    1430                1435                1440
Phe Gln  Ile Thr Ala Ser Gly  Gln Tyr Gly Gln Trp  Ala Pro Lys
```

1445 1450 1455

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1460 1465 1470

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1475 1480 1485

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1490 1495 1500

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1505 1510 1515

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1520 1525 1530

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1535 1540 1545

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1550 1555 1560

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1565 1570 1575

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1580 1585 1590

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1595 1600 1605

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1610 1615 1620

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1625 1630 1635

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1640 1645 1650

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1655 1660 1665

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1670 1675 1680

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1685 1690 1695
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1700 1705 1710
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1715 1720 1725

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
1730 1735 1740
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1745 1750 1755
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1760 1765 1770
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1775 1780 1785

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1790 1795 1800
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1805 1810 1815
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1820 1825 1830
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1835 1840 1845

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1850 1855 1860
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
1865 1870 1875
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
1880 1885 1890
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1895 1900 1905

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1910 1915 1920

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1925 1930 1935

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1940 1945 1950

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1955 1960 1965

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1970 1975 1980

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1985 1990 1995

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2000 2005 2010

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2015 2020 2025

Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

2030 2035 2040

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050 2055

<210> 1382

<211> 6171

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1382

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaacgt ccgaaagtgc taccctgag tcaggccctg gtagtgagcc tgccacaagc 3000
ggaagcgaaa ctccggggac ctcagagtct gccactcccg aatcggggcc aggctctgaa 3060

ccggccactt cagggagcga aacaccagga acatcggaga gcgctacccc ggagagcggg 3120
ccaggaacta gtactgagcc tagcgaggga agtgcacctg gtacaagcga gtccgccaca 3180
cccgagtctg gccctggctc tccagcgggc tcacccacga gcactgaaga gggctctccc 3240
gctggcagcc caacgtcgac agaagaagga tcaccagcag gctccccccac atcaacagag 3300
gagggtacat cagaatctgc tactcccgag agtggacccg gtacctccac tgagcccagc 3360
gaggggagtg caccaggtgc ctcgagcagg gctcagagtg gcagtgtccc tcagttcaag 3420
aaagttgttt tccaggaatt tactgatggc tcctttactc agcccttata ccgtggagaa 3480

ctaaatgaac atttgggact cctggggcca tatataagag cagaagttga agataatatc 3540
atggtaactt tcagaaatca ggcctctcgt ccctattcct tctattctag ccttatttct 3600
tatgaggaag atcagaggca aggagcagaa cctagaaaaa actttgtcaa gcctaatgaa 3660
accaaaactt acttttggaa agtgcaacat catatggcac ccactaaaga tgagtttgac 3720
tgcaaagcct gggcttattt ctctgatgtt gacctggaaa aagatgtgca ctcaggcctg 3780
attggacccc ttctggtctg ccacactaac acactgaacc ctgctcatgg gagacaagtg 3840
acagtacagg aatttgctct gtttttcacc atctttgatg agaccaaaag ctggtacttc 3900

actgaaaata tggaaagaaa ctgcagggct ccctgcaata tccagatgga agatcccact 3960

tttaaagaga attatcgctt ccatgcaatc aatggctaca taatggatac actacctggc 4020

ttagtaatgg ctcaggatca aaggattcga tggtatctgc tcagcatggg cagcaatgaa 4080

aacatccatt ctattcattt cagtggacat gtgttcactg tacgaaaaaa agaggagtat 4140

aaaatggcac tgtacaatct ctatccaggt gtttttgaga cagtggaaat gttaccatcc 4200

aaagctggaa tttggcgggt ggaatgcctt attggcgagc atctacatgc tgggatgagc 4260

acacttttc tggtgtacag caataagtgt cagactcccc tgggaatggc ttctggacac 4320

attagagatt ttcagattac agcttcagga caatatggac agtgggcccc aaagctggcc 4380

agacttcatt attccggatc aatcaatgcc tggagcacca aggagccctt ttcttggatc 4440

aaggtggatc tgttggcacc aatgattatt cacggcatca agacccaggg tgcccgtcag 4500

aagttctcca gcctctacat ctctcagttt atcatcatgt atagtcttga tgggaagaag 4560

tggcagactt atcgaggaaa ttccactgga accttaatgg tcttctttgg caatgtggat 4620

tcatctggga taaaacacaa tatttttaac cctccaatta ttgctcgata catccgtttg 4680

cacccaactc attatagcat tcgcagcact cttcgcatgg agttgatggg ctgtgattta 4740

aatagttgca gcatgccatt gggaatggag agtaaagcaa tatcagatgc acagattact 4800

gcttcatcct actttaccaa tatgtttgcc acctggtctc cttcaaaagc tcgacttcac 4860

ctccaaggga ggagtaatgc ctggagacct caggtgaata atccaaaaga gtggctgcaa 4920

gtggacttcc agaagacaat gaaagtcaca ggagtaacta ctcagggagt aaaatctctg 4980

cttaccagca tgtatgtgaa ggagttcctc atctccagca gtcaagatgg ccatcagtgg 5040

actctctttt ttcagaatgg caaagtaaag gtttttcagg gaaatcaaga ctccttcaca 5100

cctgtggtga actctctaga cccaccgtta ctgactcgct accttcgaat tcacccccag 5160

agttgggtgc accagattgc cctgaggatg gaggttctgg gctgcgaggc acaggacctc 5220

tacggcgcgc caggtacctc agagtctgct acccccgagt cagggccagg atcagagcca 5280

gccacctccg ggtctgagac acccgggact tccgagagtg ccacccctga gtccggaccc 5340

gggtccgagc ccgccacttc cggctccgaa actcccggca caagcgagag cgctacccca 5400

gagtcaggac caggaacatc tacagagccc tctgaaggct ccgctccagg gtccccagcc 5460

ggcagtccca ctagcaccga ggagggaacc tctgaaagcg ccacacccga atcagggcca 5520

gggtctgagc ctgctaccag cggcagcgag acaccaggca cctctgagtc cgccacacca 5580

gagtccggac ccggatctcc cgctgggagc cccacctcca ctgaggaggg atctcctgct 5640

ggctctccaa catctactga ggaaggtacc tcaaccgagc catccgaggg atcagctccc 5700

ggcacctcag agtcggcaac cccggagtct ggacccggaa cttccgaaag tgccacacca 5760

gagtccggtc ccgggacttc agaatcagca acacccgagt ccggccctgg gtctgaaccc 5820

gccacaagtg gtagtgagac accaggatca gaacctgcta cctcagggtc agagacaccc 5880

ggatctccgg caggctcacc aacctccact gaggagggca ccagcacaga accaagcgag 5940

ggctccgcac ccggaacaag cactgaaccc agtgagggtt cagcacccgg ctctgagccg 6000

gccacaagtg gcagtgagac acccggcact tcagagagtg ccacccccga gagtggccca 6060

ggcactagta ccgagccctc tgaaggcagt gcgccagcct cgagcgaaca aaaactcatc 6120

tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt catcatcacc atcaccattg a 6171

<210> 1383

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1383

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1160 1165 1170

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1175 1180 1185

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1190 1195 1200

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1205 1210 1215

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1220 1225 1230

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1235 1240 1245

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1250 1255 1260

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1265 1270 1275

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1280 1285 1290

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1745 1750 1755

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1760 1765 1770

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1805 1810 1815

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1940 1945 1950
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1985 1990 1995

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2000 2005 2010
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2015 2020 2025
Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
2030 2035 2040
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2045 2050

<210> 1384

<211> 6162

<212>

DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1384

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420
gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccatct 3480
ccagccgggt ccccaacttc gaccgaggaa gggacctccg agtcagctac cccggagtcc 3540
ggtcctggca cctccaccga accatcggag ggcagcgccc ctgggagccc tgccgggagc 3600
cctacaagca ccgaagaggg caccagtaca gagccaagtg aggggagcgc ccctggtact 3660

agtactgaac catccgaggg gtcagctcca ggcacgagtg agtccgctac ccccgagagc 3720
ggaccgggct cagagcccgc cacgagtggc agtgaaactc caggctcaga acccgccact 3780
agtgggtcag agactccagg cagccctgcc ggatccccta cgtccaccga ggagggaaca 3840
tctgagtccg caacacccga atccggtcca ggcacctcca cggaacctag tgaaggctcg 3900
gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca tatattttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggtacct cagagtctgc tacccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 5280

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 5340

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 5400

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 5460

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 5520

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 5580

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 5640

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 5700

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 5760

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 5820

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 5880

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5940

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 6000

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 6060

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1385

<211> 2197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1385

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
20 25 30

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
35 40 45

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
50 55 60
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
65 70 75 80
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
100 105 110

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
115 120 125
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
130 135 140
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
165 170 175

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
180 185 190
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
195 200 205
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
210 215 220
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
225 230 235 240

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
245 250 255
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
260 265 270
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

275 280 285

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

290 295 300

Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val

305 310 315 320

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

325 330 335

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

340 345 350

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

355 360 365

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

370 375 380

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

385 390 395 400

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

405 410 415

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

420 425 430

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

435 440 445

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

450 455 460

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys

465 470 475 480

Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe

485 490 495

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

500 505 510

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

515 520 525

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
530 535 540
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
545 550 555 560

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
565 570 575
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
580 585 590
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
595 600 605
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
610 615 620

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
625 630 635 640
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
645 650 655
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
660 665 670
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
675 680 685

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
690 695 700
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
705 710 715 720
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
725 730 735
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
740 745 750

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
755 760 765
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

770 775 780

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
785 790 795 800

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
805 810 815

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
820 825 830

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
835 840 845

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
850 855 860

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
865 870 875 880

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
885 890 895

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
900 905 910

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
915 920 925

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
930 935 940

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
945 950 955 960

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
965 970 975

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
980 985 990

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
995 1000 1005

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr
1010 1015 1020

Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln
1025 1030 1035
Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1040 1045 1050
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1055 1060 1065

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1070 1075 1080
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1085 1090 1095
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1100 1105 1110
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1115 1120 1125

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1130 1135 1140
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1145 1150 1155
Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1160 1165 1170
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser
1175 1180 1185

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1190 1195 1200
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1205 1210 1215
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1220 1225 1230
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1235 1240 1245

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1250 1255 1260

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1265 1270 1275

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1280 1285 1290

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1295 1300 1305

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1310 1315 1320

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1325 1330 1335

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1340 1345 1350

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1355 1360 1365

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1370 1375 1380

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1385 1390 1395

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1400 1405 1410

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1415 1420 1425

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1430 1435 1440

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

```
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1490                 1495                 1500
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1505                 1510                 1515
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1520                 1525                 1530
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1535                 1540                 1545

Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1550                 1555                 1560
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1565                 1570                 1575
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1580                 1585                 1590
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1595                 1600                 1605

Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1610                 1615                 1620
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    1625                 1630                 1635
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1640                 1645                 1650
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1655                 1660                 1665

Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    1670                 1675                 1680
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
    1685                 1690                 1695
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1700                 1705                 1710
Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu
```

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1730 1735 1740
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1745 1750 1755
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1760 1765 1770
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1790 1795 1800
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1805 1810 1815
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1820 1825 1830
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1850 1855 1860
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1865 1870 1875
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1880 1885 1890
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1910 1915 1920
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1925 1930 1935
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1940 1945 1950

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1970 1975 1980
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
1985 1990 1995
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
2000 2005 2010
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2015 2020 2025

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2030 2035 2040
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2045 2050 2055
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2060 2065 2070
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
2075 2080 2085

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
2090 2095 2100
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
2105 2110 2115
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2120 2125 2130
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
2135 2140 2145

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2150 2155 2160
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln
2165 2170 2175
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2180 2185 2190

His His His His

2195

<210> 1386

<211> 6594

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1386

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60

ccaggtacgc ccgggtcggg aacagcgtcc tcaagcccgg gtagctcgac gccgtcagga 120

gccacagggt cgccgggatc gtcgactcca tcaggcgcaa cgggatcgcc tggatcaagc 180

actccatccg gagcgacggg aagcccaggg agctccccgt ccgcatcgac tgggacggga 240

cctggagcaa gccccggtac gtcgtcaaca ggttcgcctg gtgcctcgcc tggcacgtcc 300

agcacgggga gccccggaac gccgggttcc ggaaccgcat cctcctcacc aggtgcctca 360

ccgggcacct catcaacggg atcaccaggg gcttcaccgg gaacgagctc gacgggttca 420

ccgggagcgt ccccggggac ttcgtcgaca ggtagcccag gggcaagccc cggtacatcg 480

tcaacgggtt ccccagggac accggggagc ggtactgcat cgtcctcacc cggttcctcg 540

acacccagcg gagccacggg ttcgcccggt actccggggt ccggaacggc cagcagctca 600

cccggttcct cgacgccatc aggtgccacg ggctcgcctg gaacgccagg ctcgggcact 660

gcgagcagca gccctggatc atcaacgcct agcggagcga ccggctcccc tggatcgtca 720

actccctcgg gcgcgactgg gagcccagga agctcaccgt cggcctcgac gggaacaggg 780

cctggttcga gcccctcagc ttcaacagga acaggtccag gcgcgtcgcc aggtacatca 840

tcgacgggtt cgcctgggac ccctgggtcc ggtactgcct catcatcgcc cggatcgtcc 900

acccccctcgg gagcgacagg ttcgcctgcc tcgagcagtg atctcggtga gctgcctgtg 960

gacgcaagat ttcctcctag agtgccaaaa tcttttccat tcaacacctc agtcgtgtac 1020

aaaaagactc tgtttgtaga attcacggat caccttttca acatcgctaa gccaaggcca 1080

ccctggatgg gtctgctagg tcctaccatc caggctgagg tttatgatac agtggtcatt 1140

acacttaaga acatggcttc ccatcctgtc agtcttcatg ctgttggtgt atcctactgg 1200

aaagcttctg agggagctga atatgatgat cagaccagtc aaagggagaa agaagatgat 1260

aaagtcttcc ctggtggaag ccatacatat gtctggcagg tcctgaaaga gaatggtcca 1320

atggcctctg acccactgtg ccttacctac tcatatcttt ctcatgtgga cctggtaaaa 1380

gacttgaatt caggcctcat tggagcccta ctagtatgta gagaagggag tctggccaag 1440

gaaaagacac agaccttgca caaatttata ctacttttg ctgtatttga tgaagggaaa 1500

agttggcact cagaaacaaa gaactccttg atgcaggata gggatgctgc atctgctcgg 1560

gcctggccta aaatgcacac agtcaatggt tatgtaaaca ggtctctgcc aggtctgatt 1620

ggatgccaca ggaaatcagt ctattggcat gtgattggaa tgggcaccac tcctgaagtg 1680

cactcaatat tcctcgaagg tcacacattt cttgtgagga accatcgcca ggctagcttg 1740

gaaatctcgc caataacttt ccttactgct caaacactct tgatggacct tggacagttt 1800

ctactgtttt gtcatatctc ttcccaccaa catgatggca tggaagctta tgtcaaagta 1860

gacagctgtc cagaggaacc ccaactacga atgaaaaata atgaagaagc ggaagactat 1920

gatgatgatc ttactgattc tgaaatggat gtggtcaggt ttgatgatga caactctcct 1980

tcctttatcc aaattcgctc agttgccaag aagcatccta aaacttgggt acattacatt 2040

gctgctgaag aggaggactg ggactatgct cccttagtcc tcgcccccga tgacagaagt 2100

tataaaagtc aatatttgaa caatggccct cagcggattg gtaggaagta caaaaaagtc 2160

cgatttatgg catacacaga tgaaaccttt aagactcgtg aagctattca gcatgaatca 2220

ggaatcttgg gacctttact ttatggggaa gttggagaca cactgttgat tatatttaag 2280

aatcaagcaa gcagaccata taacatctac cctcacggaa tcactgatgt ccgtcctttg 2340

tattcaagga gattaccaaa aggtgtaaaa catttgaagg attttccaat tctgccagga 2400

gaaatattca aatataaatg gacagtgact gtagaagatg ggccaactaa atcagatcct 2460

cggtgcctga cccgctatta ctctagtttc gttaatatgg agagagatct agcttcagga 2520

ctcattggcc ctctcctcat ctgctacaaa gaatctgtag atcaaagagg aaaccagata 2580

atgtcagaca agaggaatgt catcctgttt tctgtatttg atgagaaccg aagctggtac 2640

ctcacagaga atatacaacg ctttctcccc aatccagctg gagtgcagct tgaggatcca 2700

gagttccaag cctccaacat catgcacagc atcaatggct atgtttttga tagtttgcag 2760

ttgtcagttt gtttgcatga ggtggcatac tggtacattc taagcattgg agcacagact 2820

gacttccttt ctgtcttctt ctctggatat accttcaaac acaaaatggt ctatgaagac 2880

acactcaccc tattcccatt ctcaggagaa actgtcttca tgtcgatgga aaacccaggt 2940

ctatggattc tggggtgcca caactcagac tttcggaaca gaggcatgac cgccttactg 3000

aaggtttcta gttgtgacaa gaacactggt gattattacg aggacagtta tgaagatatt 3060

tcagcatact tgctgagtaa aaacaatgcc attgaaccaa gaagcttctc tcaaaacggc 3120

gcgccaagtc ccgctggaag cccaactagc accgaagagg ggacctcaga gtccgccacc 3180

cccgagtccg gccctggctc tgagcctgcc actagcggct ccgagactcc tggcacatcc 3240

gaaagcgcta cacccgagag tggacccggc acctctaccg agcccagtga gggctccgcc 3300

cctggaacaa gcaccgagcc cagcgaaggc agcgccccag ggacctccac agagcccagt 3360

gaaggcagtg ctcctggcac cagcaccgaa ccaagcgagg gctctgcacc cgggacctcc 3420

accgagccaa gcgaaggctc tgcccctggc acttccaccg agcccagcga aggcagcgcc 3480

cctgggagcc ccgctggctc tcccaccagc actgaggagg gcacatctac cgaaccaagt 3540

gaaggctctg caccaggtgc ctcgagccca ccagtcttga aacgccatca agctgaaata 3600

actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt 3660

gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc 3720

tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg 3780

atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc 3840

aagaaagttg ttttccagga atttactgat ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga 3900

gaactaaatg aacatttggg actcctgggg ccatatataa gagcagaagt tgaagataat 3960

atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct cgtccctatt ccttctattc tagccttatt 4020

tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat 4080

gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa catcatatgg cacccactaa agatgagttt 4140

gactgcaaag cctgggctta tttctctgat gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc 4200

ctgattggac cccttctggt ctgccacact aacacactga accctgctca tgggagacaa 4260

gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc accatctttg atgagaccaa aagctggtac 4320

ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100
ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160
ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220
actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280
cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340
caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400
ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520
acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580
cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640
ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct gctacccccg agtcagggcc aggatcagag 5700
ccagccacct ccgggtctga gacacccggg acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga 5760
cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc 5820
ccagagtcag gaccaggaac atctacagag ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca 5880

gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg 5940
ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc gagacaccag gcacctctga gtccgccaca 6000
ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg agccccacct ccactgagga gggatctcct 6060
gctggctctc caacatctac tgaggaaggt acctcaaccg agccatccga gggatcagct 6120
cccggcacct cagagtcggc aaccccggag tctggacccg gaacttccga aagtgccaca 6180
ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa 6240
cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca 6300

cccggatctc cggcaggctc accaacctcc actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc 6360
gagggctccg cacccggaac aagcactgaa cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag 6420
ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc 6480
ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc 6540
atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6594

<210> 1387

<211> 2197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1387

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
405 410 415
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
420 425 430
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
435 440 445

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
450 455 460
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

545 550 555 560

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

565 570 575

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

580 585 590

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

595 600 605

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

610 615 620

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

625 630 635 640

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

645 650 655

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

660 665 670

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

675 680 685

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

690 695 700

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

705 710 715 720

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
725 730 735

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly
740 745 750

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
755 760 765

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
770 775 780

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
785 790 795 800

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
805 810 815

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
820 825 830

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
835 840 845

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
850 855 860

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
865 870 875 880

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
885 890 895

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
900 905 910

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
915 920 925

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
930 935 940

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
945 950 955 960

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

965 970 975

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

980 985 990

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

995 1000 1005

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr

1010 1015 1020

Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln

1025 1030 1035

Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1040 1045 1050

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1055 1060 1065

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1070 1075 1080

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1085 1090 1095

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1100 1105 1110

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1115 1120 1125

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1130 1135 1140

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1145 1150 1155

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1160 1165 1170

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser

1175 1180 1185

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1190 1195 1200

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1205 1210 1215
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1220 1225 1230
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1235 1240 1245
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1250 1255 1260

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1265 1270 1275
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1280 1285 1290
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1295 1300 1305
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1310 1315 1320

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1325 1330 1335
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1340 1345 1350
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1355 1360 1365
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1370 1375 1380

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1385 1390 1395
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1400 1405 1410
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1415 1420 1425
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1430 1435 1440

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1445 1450 1455
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1460 1465 1470
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1475 1480 1485
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
1505 1510 1515
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe
1520 1525 1530
Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1535 1540 1545
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
1550 1555 1560

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
1565 1570 1575
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
1580 1585 1590
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1595 1600 1605
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1610 1615 1620

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1625 1630 1635
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1640 1645 1650
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1655 1660 1665

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1670 1675 1680

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1685 1690 1695
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1700 1705 1710
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1715 1720 1725
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1745 1750 1755
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1760 1765 1770
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1775 1780 1785
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1805 1810 1815
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1820 1825 1830
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1835 1840 1845
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1865 1870 1875
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1880 1885 1890
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1910 1915 1920

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1925 1930 1935

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1940 1945 1950

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1970 1975 1980

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1985 1990 1995

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2015 2020 2025

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2045 2050 2055

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2075 2080 2085

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

2090 2095 2100

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2120 2125 2130

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
2135 2140 2145
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2150 2155 2160

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln
2165 2170 2175
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
2180 2185 2190
His His His His
2195

<210> 1388

<211> 6594

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1388

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg gcgcgccagg tacgcccggg tcgggaacag cgtcctcaag cccgggtagc 1260
tcgacgccgt caggagccac agggtcgccg ggatcgtcga ctccatcagg cgcaacggga 1320

tcgcctggat caagcactcc atccggagcg acgggaagcc cagggagctc cccgtccgca 1380
tcgactggga cgggacctgg agcaagcccc ggtacgtcgt caacaggttc gcctggtgcc 1440
tcgcctggca cgtccagcac ggggagcccc ggaacgccgg gttccggaac cgcatcctcc 1500
tcaccaggtg cctcaccggg cacctcatca acgggatcac caggggcttc accgggaacg 1560
agctcgacgg gttcaccggg agcgtccccg gggacttcgt cgacaggtag cccaggggca 1620
agccccggta catcgtcaac gggttcccca gggacaccgg ggagcggtac tgcatcgtcc 1680
tcacccggtt cctcgacacc cagcggagcc acgggttcgc ccggtactcc ggggtccgga 1740

acggccagca gctcacccgg ttcctcgacg ccatcaggtg ccacgggctc gcctggaacg 1800
ccaggctcgg gcactgcgag cagcagccct ggatcatcaa cgcctagcgg agcgaccggc 1860
tcccctggat cgtcaactcc ctcgggcgcg actgggagcc caggaagctc accgtcggcc 1920
tcgacgggaa cagggcctgg ttcgagcccc tcagcttcaa caggaacagg tccaggcgcg 1980
tcgccaggta catcatcgac gggttcgcct gggacccctg ggtccggtac tgcctcatca 2040
tcgcccggat cgtccacccc ctcgggagcg acaggttcgc ctgcctcgag cgacagaagt 2100
tataaaagtc aatatttgaa caatggccct cagcggattg gtaggaagta caaaaaagtc 2160

cgatttatgg catacacaga tgaaaccttt aagactcgtg aagctattca gcatgaatca 2220
ggaatcttgg gacctttact ttatggggaa gttggagaca cactgttgat tatatttaag 2280
aatcaagcaa gcagaccata taacatctac cctcacggaa tcactgatgt ccgtcctttg 2340
tattcaagga gattaccaaa aggtgtaaaa catttgaagg attttccaat tctgccagga 2400
gaaatattca aatataaatg gacagtgact gtagaagatg ggccaactaa atcagatcct 2460
cggtgcctga cccgctatta ctctagtttc gttaatatgg agagagatct agcttcagga 2520
ctcattggcc ctctcctcat ctgctacaaa gaatctgtag atcaaagagg aaaccagata 2580

atgtcagaca agaggaatgt catcctgttt tctgtatttg atgagaaccg aagctggtac 2640

ctcacagaga atatacaacg ctttctcccc aatccagctg gagtgcagct tgaggatcca 2700

gagttccaag cctccaacat catgcacagc atcaatggct atgtttttga tagtttgcag 2760

ttgtcagttt gtttgcatga ggtggcatac tggtacattc taagcattgg agcacagact 2820

gacttccttt ctgtcttctt ctctggatat accttcaaac acaaaatggt ctatgaagac 2880

acactcaccc tattcccatt ctcaggagaa actgtcttca tgtcgatgga aaacccaggt 2940

ctatggattc tggggtgcca caactcagac tttcggaaca gaggcatgac cgccttactg 3000

aaggtttcta gttgtgacaa gaacactggt gattattacg aggacagtta tgaagatatt 3060

tcagcatact tgctgagtaa aaacaatgcc attgaaccaa gaagcttctc tcaaaacggc 3120

gcgccaagtc ccgctggaag cccaactagc accgaagagg ggacctcaga gtccgccacc 3180

cccgagtccg gccctggctc tgagcctgcc actagcggct ccgagactcc tggcacatcc 3240

gaaagcgcta cacccgagag tggacccggc acctctaccg agcccagtga gggctccgcc 3300

cctggaacaa gcaccgagcc cagcgaaggc agcgccccag ggacctccac agagcccagt 3360

gaaggcagtg ctcctggcac cagcaccgaa ccaagcgagg gctctgcacc cgggacctcc 3420

accgagccaa gcgaaggctc tgcccctggc acttccaccg agcccagcga aggcagcgcc 3480

cctgggagcc ccgctggctc tcccaccagc actgaggagg gcacatctac cgaaccaagt 3540

gaaggctctg caccaggtgc ctcgagccca ccagtcttga aacgccatca agctgaaata 3600

actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt 3660

gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc 3720

tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg 3780

atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc 3840

aagaaagttg ttttccagga atttactgat ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga 3900

gaactaaatg aacatttggg actcctgggg ccatatataa gagcagaagt tgaagataat 3960

atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct cgtccctatt ccttctattc tagccttatt 4020

tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat 4080

gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa catcatatgg cacccactaa agatgagttt 4140

gactgcaaag cctgggctta tttctctgat gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc 4200

ctgattggac cccttctggt ctgccacact aacacactga accctgctca tgggagacaa 4260

gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc accatctttg atgagaccaa aagctggtac 4320

ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct gctacccccg agtcagggcc aggatcagag 5700

ccagccacct ccgggtctga gacacccggg acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga 5760

cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc 5820

ccagagtcag gaccaggaac atctacagag ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca 5880

gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg 5940

ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc gagacaccag gcacctctga gtccgccaca 6000

ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg agccccacct ccactgagga gggatctcct 6060

gctggctctc caacatctac tgaggaaggt acctcaaccg agccatccga gggatcagct 6120

cccggcacct cagagtcggc aaccccggag tctggacccg gaacttccga aagtgccaca 6180

ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa 6240

cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca 6300

cccggatctc cggcaggctc accaacctcc actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc 6360

gagggctccg cacccggaac aagcactgaa cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag 6420

ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc 6480

ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc 6540

atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6594

<210> 1389

<211> 2200

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1389

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

980 985 990

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

995 1000 1005

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1010 1015 1020

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1025 1030 1035

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1055 1060 1065

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1085 1090 1095

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1115 1120 1125

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1130 1135 1140

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1145 1150 1155

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1160 1165 1170

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1175 1180 1185

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1190 1195 1200

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1205 1210 1215

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1220 1225 1230

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1235 1240 1245

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1250 1255 1260

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly

1265 1270 1275

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp

1280 1285 1290

Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His

1295 1300 1305

Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn

1310 1315 1320

Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe

1325 1330 1335

Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala

1340 1345 1350

Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr

1355 1360 1365

Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe

1370 1375 1380

Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys

1385 1390 1395

Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

1400 1405 1410

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1415 1420 1425

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1430 1435 1440

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

1445 1450 1455

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1460 1465 1470

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1475 1480 1485

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1490 1495 1500

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1505 1510 1515

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1520 1525 1530

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1535 1540 1545

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1550 1555 1560

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1595 1600 1605

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1610 1615 1620

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1625 1630 1635

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1640 1645 1650

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1655 1660 1665

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1670 1675 1680

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1685 1690 1695

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1700 1705 1710

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1715 1720 1725

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1730 1735 1740

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1745 1750 1755

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1760 1765 1770

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1775 1780 1785

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1790 1795 1800

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1805 1810 1815

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1820 1825 1830

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1835 1840 1845

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1850 1855 1860

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1865 1870 1875

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1880 1885 1890

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1895 1900 1905

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1910 1915 1920

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1925 1930 1935

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1940 1945 1950

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1955 1960 1965

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1970 1975 1980

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1985 1990 1995

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

2000 2005 2010

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2015 2020 2025

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2030 2035 2040

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2045 2050 2055

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2060 2065 2070

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2075 2080 2085

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2090 2095 2100

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

2105 2110 2115

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

2120 2125 2130

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

2135 2140 2145

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2150 2155 2160

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser

2165 2170 2175

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

2180 2185 2190

Gly His His His His His His

2195 2200

<210> 1390

<211> 6603

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1390

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280
acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340
gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400
cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460
acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520
tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580
cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc 2940
gcgccaggta cgcccgggtc gggaacagcg tcctcaagcc cgggtagctc gacgccgtca 3000
ggagccacag ggtcgccggg atcgtcgact ccatcaggcg caacgggatc gcctggatca 3060

agcactccat ccggagcgac gggaagccca gggagctccc cgtccgcatc gactgggacg 3120
ggacctggag caagccccgg tacgtcgtca acaggttcgc ctggtgcctc gcctggcacg 3180
tccagcacgg ggagccccgg aacgccgggt tccggaaccg catcctcctc accaggtgcc 3240
tcaccgggca cctcatcaac gggatcacca ggggcttcac cgggaacgag ctcgacgggt 3300
tcaccgggag cgtccccggg gacttcgtcg acaggtagcc caggggcaag ccccggtaca 3360
tcgtcaacgg gttccccagg gacaccgggg agcggtactg catcgtcctc acccggttcc 3420
tcgacaccca gcggagccac gggttcgccc ggtactccgg ggtccggaac ggccagcagc 3480

tcacccggtt cctcgacgcc atcaggtgcc acgggctcgc ctggaacgcc aggctcgggc 3540
actgcgagca gcagccctgg atcatcaacg cctagcggag cgaccggctc ccctggatcg 3600
tcaactccct cgggcgcgac tgggagccca ggaagctcac cgtcggcctc gacgggaaca 3660
gggcctggtt cgagcccctc agcttcaaca ggaacaggtc caggcgcgtc gccaggtaca 3720
tcatcgacgg gttcgcctgg gacccctggg tccggtactg cctcatcatc gcccggatcg 3780
tccacccccc cgggagcgac aggttcgcct gcctcgagca gggctcagag tggcagtgtc 3840
cctcagttca agaaagttgt tttccaggaa tttactgatg gctcctttac tcagccctta 3900

taccgtggag aactaaatga acatttggga ctcctggggc catatataag agcagaagtt 3960

gaagataata tcatggtaac tttcagaaat caggcctctc gtccctattc cttctattct 4020

agccttattt cttatgagga agatcagagg caaggagcag aacctagaaa aaactttgtc 4080

aagcctaatg aaaccaaaac ttacttttgg aaagtgcaac atcatatggc acccactaaa 4140

gatgagtttg actgcaaagc ctgggcttat ttctctgatg ttgacctgga aaaagatgtg 4200

cactcaggcc tgattggacc ccttctggtc tgccacacta acacactgaa ccctgctcat 4260

gggagacaag tgacagtaca ggaatttgct ctgtttttca ccatctttga tgagaccaaa 4320

agctggtact tcactgaaaa tatggaaaga aactgcaggg ctccctgcaa tatccagatg 4380

gaagatccca cttttaaaga gaattatcgc ttccatgcaa tcaatggcta cataatggat 4440

acactacctg gcttagtaat ggctcaggat caaaggattc gatggtatct gctcagcatg 4500

ggcagcaatg aaaacatcca ttctattcat ttcagtggac atgtgttcac tgtacgaaaa 4560

aaagaggagt ataaaatggc actgtacaat ctctatccag gtgtttttga gacagtggaa 4620

atgttaccat ccaaagctgg aatttggcgg gtggaatgcc ttattggcga gcatctacat 4680

gctgggatga gcacactttt tctggtgtac agcaataagt gtcagactcc cctgggaatg 4740

gcttctggac acattagaga ttttcagatt acagcttcag gacaatatgg acagtgggcc 4800

ccaaagctgg ccagacttca ttattccgga tcaatcaatg cctggagcac caaggagccc 4860

ttttcttgga tcaaggtgga tctgttggca ccaatgatta ttcacggcat caagacccag 4920

ggtgcccgtc agaagttctc cagcctctac atctctcagt ttatcatcat gtatagtctt 4980

gatgggaaga agtggcagac ttatcgagga aattccactg gaaccttaat ggtcttcttt 5040

ggcaatgtgg attcatctgg gataaaacac aatattttta accctccaat tattgctcga 5100

tacatccgtt tgcacccaac tcattatagc attcgcagca ctcttcgcat ggagttgatg 5160

ggctgtgatt taaatagttg cagcatgcca ttgggaatgg agagtaaagc aatatcagat 5220

gcacagatta ctgcttcatc ctactttacc aatatgtttg ccacctggtc tccttcaaaa 5280

gctcgacttc acctccaagg gaggagtaat gcctggagac ctcaggtgaa taatccaaaa 5340

gagtggctgc aagtggactt ccagaagaca atgaaagtca caggagtaac tactcaggga 5400

gtaaaatctc tgcttaccag catgtatgtg aaggagttcc tcatctccag cagtcaagat 5460

ggccatcagt ggactctctt ttttcagaat ggcaaagtaa aggtttttca gggaaatcaa 5520

gactccttca cacctgtggt gaactctcta gacccaccgt tactgactcg ctaccttcga 5580

attcaccccc agagttgggt gcaccagatt gccctgagga tggaggttct gggctgcgag 5640

gcacaggacc tctacggcgc gccaggtacc tcagagtctg ctacccccga gtcagggcca 5700

ggatcagagc cagccacctc cgggtctgag acacccggga cttccgagag tgccaccccct 5760

gagtccggac ccgggtccga gcccgccact tccggctccg aaactcccgg cacaagcgag 5820

agcgctaccc cagagtcagg accaggaaca tctacagagc cctctgaagg ctccgctcca 5880

gggtccccag ccggcagtcc cactagcacc gaggagggaa cctctgaaag cgccacaccc 5940

gaatcagggc cagggtctga gcctgctacc agcggcagcg agacaccagg cacctctgag 6000

tccgccacac cagagtccgg acccggatct cccgctggga gccccacctc cactgaggag 6060

ggatctcctg ctggctctcc aacatctact gaggaaggta cctcaaccga gccatccgag 6120

ggatcagctc ccggcacctc agagtcggca accccggagt ctggacccgg aacttccgaa 6180

agtgccacac cagagtccgg tcccgggact tcagaatcag caacacccga gtccggccct 6240

gggtctgaac ccgccacaag tggtagtgag acaccaggat cagaacctgc tacctcaggg 6300

tcagagacac ccggatctcc ggcaggctca ccaacctcca ctgaggaggg caccagcaca 6360

gaaccaagcg agggctccgc acccggaaca agcactgaac ccagtgaggg ttcagcaccc 6420

ggctctgagc cggccacaag tggcagtgag acacccggca cttcagagag tgccaccccc 6480

gagagtggcc caggcactag taccgagccc tctgaaggca gtgcgccagc ctcgagcgaa 6540

caaaaactca tctcagaaga ggatctgtca cctgcaaccg gtcatcatca ccatcaccat 6600

tga 6603

<210> 1391

<211> 2197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1391

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Ser Pro Ala Gly

740 745 750

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

755 760 765

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

770 775 780

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

785 790 795 800

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

805 810 815

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

835 840 845

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

850 855 860

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

865 870 875 880

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1175 1180 1185

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1355 1360 1365

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1385 1390 1395

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1415 1420 1425

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1505 1510 1515

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1520 1525 1530

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1535 1540 1545

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1550 1555 1560

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1565 1570 1575

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1580 1585 1590

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1595 1600 1605

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1610 1615 1620

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1625 1630 1635

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1640 1645 1650

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1655 1660 1665

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1670 1675 1680

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1685 1690 1695

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1700 1705 1710

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1745 1750 1755

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1880 1885 1890

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1910 1915 1920

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1925 1930 1935

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1940 1945 1950

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1955 1960 1965

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1970 1975 1980

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1985 1990 1995

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2000 2005 2010

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

2015 2020 2025

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

2045 2050 2055

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2075 2080 2085

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

2090 2095 2100

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2105 2110 2115

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2120 2125 2130

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2135 2140 2145

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

2150 2155 2160

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ser Glu Gln

2165 2170 2175

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2180 2185 2190

His His His His

2195

<210> 1392

<211> 6594

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1392

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaagtccc gctggaagcc caactagcac cgaagagggg 2280

acctcagagt ccgccacccc cgagtccggc cctggctctg agcctgccac tagcggctcc 2340

gagactcctg gcacatccga aagcgctaca cccgagagtg gacccggcac ctctaccgag 2400

cccagtgagg gctccgcccc tggaacaagc accgagccca gcgaaggcag cgccccaggg 2460

acctccacag agcccagtga aggcagtgct cctggcacca gcaccgaacc aagcgagggc 2520

tctgcacccg ggacctccac cgagccaagc gaaggctctg cccctggcac ttccaccgag 2580

cccagcgaag gcagcgcccc tgggagcccc gctggctctc ccaccagcac tgaggagggc 2640

acatctaccg aaccaagtga aggctctgca ccaggtgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acgcccgggt cgggaacagc gtcctcaagc ccgggtagct cgacgccgtc aggagccaca 3540
gggtcgccgg gatcgtcgac tccatcaggc gcaacgggat cgcctggatc aagcactcca 3600
tccggagcga cgggaagccc agggagctcc ccgtccgcat cgactgggac gggacctgga 3660
gcaagccccg gtacgtcgtc aacaggttcg cctggtgcct cgcctggcac gtccagcacg 3720
gggagccccg gaacgccggg ttccggaacc gcatcctcct caccaggtgc ctcaccgggc 3780
acctcatcaa cgggatcacc aggggcttca ccgggaacga gctcgacggg ttcaccggga 3840
gcgtccccgg ggacttcgtc gacaggtagc ccaggggcaa gccccggtac atcgtcaacg 3900

ggttccccag ggacaccggg gagcggtact gcatcgtcct cacccggttc ctcgacaccc 3960
agcggagcca cgggttcgcc cggtactccg gggtccggaa cggccagcag ctcacccggt 4020
tcctcgacgc catcaggtgc cacgggctcg cctggaacgc caggctcggg cactgcgagc 4080
agcagccctg gatcatcaac gcctagcgga gcgaccggct cccctggatc gtcaactccc 4140
tcgggcgcga ctgggagccc aggaagctca ccgtcggcct cgacgggaac agggcctggt 4200
tcgagcccct cagcttcaac aggaacaggt ccaggcgcgt cgccaggtac atcatcgacg 4260
ggttcgcctg ggacccctgg gtccggtact gcctcatcat cgcccggatc gtccaccccc 4320

tcgggagcga caggttcgcc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380
acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440
ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500
gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560
tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620
tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680
agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800
gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860
atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920
cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980
aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040
gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100
ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg cgccaggtac ctcagagtct gctacccccg agtcagggcc aggatcagag 5700

ccagccacct ccgggtctga gacacccggg acttccgaga gtgccacccc tgagtccgga 5760

cccgggtccg agcccgccac ttccggctcc gaaactcccg gcacaagcga gagcgctacc 5820

ccagagtcag gaccaggaac atctacagag ccctctgaag gctccgctcc agggtcccca 5880

gccggcagtc ccactagcac cgaggaggga acctctgaaa gcgccacacc cgaatcaggg 5940

ccagggtctg agcctgctac cagcggcagc gagacaccag gcacctctga gtccgccaca 6000

ccagagtccg gacccggatc tcccgctggg agccccacct ccactgagga gggatctcct 6060

gctggctctc caacatctac tgaggaaggt acctcaaccg agccatccga gggatcagct 6120

cccggcacct cagagtcggc aaccccggag tctggacccg gaacttccga aagtgccaca 6180

ccagagtccg gtcccgggac ttcagaatca gcaacacccg agtccggccc tgggtctgaa 6240

cccgccacaa gtggtagtga gacaccagga tcagaacctg ctacctcagg gtcagagaca 6300

cccggatctc cggcaggctc accaacctcc actgaggagg gcaccagcac agaaccaagc 6360

gagggctccg cacccggaac aagcactgaa cccagtgagg gttcagcacc cggctctgag 6420

ccggccacaa gtggcagtga gacacccggc acttcagaga gtgccacccc cgagagtggc 6480

ccaggcacta gtaccgagcc ctctgaaggc agtgcgccag cctcgagcga acaaaaactc 6540

atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6594

<210> 1393

<211> 1763

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1393

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
20 25 30
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
35 40 45
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
50 55 60
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
65 70 75 80

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
100 105 110
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
115 120 125
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
145 150 155 160
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
165 170 175
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
180 185 190
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
195 200 205

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
210 215 220
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
225 230 235 240
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
245 250 255

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
260 265 270

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
275 280 285
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
290 295 300
Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val
305 310 315 320
Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr
325 330 335

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu
340 345 350
Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro
355 360 365
Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn
370 375 380
Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp
385 390 395 400

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu
405 410 415
Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp
420 425 430
Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu
435 440 445
Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser
450 455 460

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
465 470 475 480
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
485 490 495
Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

500 505 510

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val

515 520 525

Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg

530 535 540

Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val

545 550 555 560

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg

565 570 575

Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr

580 585 590

Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser

595 600 605

His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro

610 615 620

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr

625 630 635 640

Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp

645 650 655

Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His

660 665 670

Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp

675 680 685

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln

690 695 700

Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

705 710 715 720

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

725 730 735

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

740 745 750

```
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
        755                 760                 765
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
    770                 775                 780

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
785                 790                 795                 800
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
                805                 810                 815
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn
            820                 825                 830
Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys
        835                 840                 845

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys
    850                 855                 860
Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr
865                 870                 875                 880
Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
                885                 890                 895
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn
            900                 905                 910

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val
        915                 920                 925
Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser
    930                 935                 940
Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp
945                 950                 955                 960
Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
                965                 970                 975

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
            980                 985                 990
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu  Lys Val Ser Ser Cys  Asp Lys Asn
```

995 1000 1005

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr

1010 1015 1020

Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln

1025 1030 1035

Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

```
Ala Trp  Ala Tyr Phe Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His
    1235                1240                1245
Ser Gly  Leu Ile Gly Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu
    1250                1255                1260
Asn Pro  Ala His Gly Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu
    1265                1270                1275

Phe Phe  Thr Ile Phe Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu
    1280                1285                1290
Asn Met  Glu Arg Asn Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu
    1295                1300                1305
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1310                1315                1320
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1325                1330                1335

Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1340                1345                1350
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1355                1360                1365
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1370                1375                1380
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1385                1390                1395

Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1400                1405                1410
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1415                1420                1425
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1430                1435                1440
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1445                1450                1455

Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
```

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1700 1705 1710
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1715 1720 1725
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu
1730 1735 1740
Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His
1745 1750 1755

His His His His His
1760

<210> 1394

<211> 5292

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1394

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaggcgcg 60
ccaggtacgc ccgggtcggg aacagcgtcc tcaagcccgg gtagctcgac gccgtcagga 120
gccacagggt cgccgggatc gtcgactcca tcaggcgcaa cgggatcgcc tggatcaagc 180
actccatccg gagcgacggg aagcccaggg agctccccgt ccgcatcgac tgggacggga 240

cctggagcaa gccccggtac gtcgtcaaca ggttcgcctg gtgcctcgcc tggcacgtcc 300
agcacgggga gccccggaac gccgggttcc ggaaccgcat cctcctcacc aggtgcctca 360
ccgggcacct catcaacggg atcaccaggg gcttcaccgg gaacgagctc gacgggttca 420
ccgggagcgt ccccggggac ttcgtcgaca ggtagcccag gggcaagccc cggtacatcg 480
tcaacgggtt ccccagggac accggggagc ggtactgcat cgtcctcacc cggttcctcg 540
acacccagcg gagccacggg ttcgcccggt actccggggt ccggaacggc cagcagctca 600
cccggttcct cgacgccatc aggtgccacg ggctcgcctg gaacgccagg ctcgggcact 660

gcgagcagca gccctggatc atcaacgcct agcggagcga ccggctcccc tggatcgtca 720
actccctcgg gcgcgactgg gagcccagga agctcaccgt cggcctcgac gggaacaggg 780
cctggttcga gcccctcagc ttcaacagga acaggtccag gcgcgtcgcc aggtacatca 840
tcgacgggtt cgcctgggac ccctgggtcc ggtactgcct catcatcgcc cggatcgtcc 900

acccccctcgg gagcgacagg ttcgcctgcc tcgagcagtg atctcggtga gctgcctgtg 960

gacgcaagat ttcctcctag agtgccaaaa tcttttccat tcaacacctc agtcgtgtac 1020

aaaaagactc tgtttgtaga attcacggat cacctttca acatcgctaa gccaaggcca 1080

ccctggatgg gtctgctagg tcctaccatc caggctgagg tttatgatac agtggtcatt 1140

acacttaaga acatggcttc ccatcctgtc agtcttcatg ctgttggtgt atcctactgg 1200

aaagcttctg agggagctga atatgatgat cagaccagtc aaagggagaa agaagatgat 1260

aaagtcttcc ctggtggaag ccatacatat gtctggcagg tcctgaaaga gaatggtcca 1320

atggcctctg acccactgtg ccttacctac tcatatcttt ctcatgtgga cctggtaaaa 1380

gacttgaatt caggcctcat tggagcccta ctagtatgta gagaagggag tctggccaag 1440

gaaaagacac agaccttgca caaatttata ctacttttg ctgtatttga tgaagggaaa 1500

agttggcact cagaaacaaa gaactccttg atgcaggata gggatgctgc atctgctcgg 1560

gcctggccta aaatgcacac agtcaatggt tatgtaaaca ggtctctgcc aggtctgatt 1620

ggatgccaca ggaaatcagt ctattggcat gtgattggaa tgggcaccac tcctgaagtg 1680

cactcaatat tcctcgaagg tcacacattt cttgtgagga accatcgcca ggctagcttg 1740

gaaatctcgc caataacttt ccttactgct caaacactct tgatggacct tggacagttt 1800

ctactgtttt gtcatatctc ttcccaccaa catgatggca tggaagctta tgtcaaagta 1860

gacagctgtc cagaggaacc ccaactacga atgaaaaata atgaagaagc ggaagactat 1920

gatgatgatc ttactgattc tgaaatggat gtggtcaggt ttgatgatga caactctcct 1980

tcctttatcc aaattcgctc agttgccaag aagcatccta aaacttgggt acattacatt 2040

gctgctgaag aggaggactg ggactatgct cccttagtcc tcgcccccga tgacagaagt 2100

tataaaagtc aatatttgaa caatggccct cagcggattg gtaggaagta caaaaaagtc 2160

cgatttatgg catacacaga tgaaaccttt aagactcgtg aagctattca gcatgaatca 2220

ggaatcttgg gacctttact ttatggggaa gttggagaca cactgttgat tatatttaag 2280

aatcaagcaa gcagaccata taacatctac cctcacggaa tcactgatgt ccgtcctttg 2340

tattcaagga gattaccaaa aggtgtaaaa catttgaagg attttccaat tctgccagga 2400

gaaatattca aatataaatg gacagtgact gtagaagatg ggccaactaa atcagatcct 2460

cggtgcctga cccgctatta ctctagtttc gttaatatgg agagagatct agcttcagga 2520

ctcattggcc ctctcctcat ctgctacaaa gaatctgtag atcaaagagg aaaccagata 2580

atgtcagaca agaggaatgt catcctgttt tctgtatttg atgagaaccg aagctggtac 2640

ctcacagaga atatacaacg ctttctcccc aatccagctg gagtgcagct tgaggatcca 2700

gagttccaag cctccaacat catgcacagc atcaatggct atgtttttga tagtttgcag 2760

ttgtcagttt gtttgcatga ggtggcatac tggtacattc taagcattgg agcacagact 2820
gacttccttt ctgtcttctt ctctggatat accttcaaac acaaaatggt ctatgaagac 2880
acactcaccc tattcccatt ctcaggagaa actgtcttca tgtcgatgga aaacccaggt 2940
ctatggattc tggggtgcca caactcagac tttcggaaca gaggcatgac cgccttactg 3000
aaggtttcta gttgtgacaa gaacactggt gattattacg aggacagtta tgaagatatt 3060
tcagcatact tgctgagtaa aaacaatgcc attgaaccaa gaagcttctc tcaaaaccca 3120
ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360
agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420
ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840
accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900
gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960
atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080
catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140
ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200
cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260
tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320
ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380
gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220

acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280

catcaccatt ga 5292

<210> 1395

<211> 1763

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1395

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

405 410 415

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

420 425 430

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

435 440 445

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

450 455 460

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

465 470 475 480

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

485 490 495

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

500 505 510

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

515 520 525

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

530 535 540

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

545 550 555 560

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

565 570 575

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
580 585 590
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
595 600 605
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

610 615 620
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
625 630 635 640
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
645 650 655
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
660 665 670
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

675 680 685
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
690 695 700
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val
705 710 715 720
Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile
725 730 735
Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

740 745 750
Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn
755 760 765
Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
770 775 780
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
785 790 795 800
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

805 810 815
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

820 825 830

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

835 840 845

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

850 855 860

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

865 870 875 880

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

885 890 895

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

900 905 910

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

915 920 925

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

930 935 940

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

945 950 955 960

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met

965 970 975

Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

980 985 990

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn

995 1000 1005

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr

1010 1015 1020

Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln

1025 1030 1035

Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1430 1435 1440

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1460 1465 1470

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1475 1480 1485

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1490 1495 1500

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1520 1525 1530

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1535 1540 1545

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1550 1555 1560

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1595 1600 1605

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1610 1615 1620

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1640 1645 1650

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1730 1735 1740

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1745 1750 1755

His His His His His His

1760

<210> 1396

<211> 5292

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1396

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg gcgcgccagg tacgcccggg tcgggaacag cgtcctcaag cccgggtagc 1260

tcgacgccgt caggagccac agggtcgccg ggatcgtcga ctccatcagg cgcaacggga 1320

tcgcctggat caagcactcc atccggagcg acgggaagcc cagggagctc cccgtccgca 1380

tcgactggga cgggacctgg agcaagcccc ggtacgtcgt caacaggttc gcctggtgcc 1440

tcgcctggca cgtccagcac ggggagcccc ggaacgccgg gttccggaac cgcatcctcc 1500

tcaccaggtg cctcaccggg cacctcatca acgggatcac caggggcttc accgggaacg 1560

agctcgacgg gttcaccggg agcgtccccg gggacttcgt cgacaggtag cccaggggca 1620

agccccggta catcgtcaac gggttcccca gggacaccgg ggagcggtac tgcatcgtcc 1680

tcacccggtt cctcgacacc cagcggagcc acgggttcgc ccggtactcc ggggtccgga 1740

acggccagca gctcacccgg ttcctcgacg ccatcaggtg ccacgggctc gcctggaacg 1800

ccaggctcgg gcactgcgag cagcagccct ggatcatcaa cgcctagcgg agcgaccggc 1860

tcccctggat cgtcaactcc ctcgggcgcg actgggagcc caggaagctc accgtcggcc 1920

tcgacgggaa cagggcctgg ttcgagcccc tcagcttcaa caggaacagg tccaggcgcg 1980

tcgccaggta catcatcgac gggttcgcct gggacccctg ggtccggtac tgcctcatca 2040

tcgcccggat cgtccacccc ctcgggagcg acaggttcgc ctgcctcgag cgacagaagt 2100

tataaaagtc aatatttgaa caatggccct cagcggattg gtaggaagta caaaaaagtc 2160

cgatttatgg catacacaga tgaaaccttt aagactcgtg aagctattca gcatgaatca 2220

ggaatcttgg gacctttact ttatggggaa gttggagaca cactgttgat tatatttaag 2280

aatcaagcaa gcagaccata taacatctac cctcacggaa tcactgatgt ccgtcctttg 2340

tattcaagga gattaccaaa aggtgtaaaa catttgaagg attttccaat tctgccagga 2400

gaaatattca aatataaatg gacagtgact gtagaagatg ggccaactaa atcagatcct 2460

cggtgcctga cccgctatta ctctagtttc gttaatatgg agagagatct agcttcagga 2520

ctcattggcc ctctcctcat ctgctacaaa gaatctgtag atcaaagagg aaaccagata 2580

atgtcagaca agaggaatgt catcctgttt tctgtatttg atgagaaccg aagctggtac 2640

ctcacagaga atatacaacg ctttctcccc aatccagctg gagtgcagct tgaggatcca 2700

gagttccaag cctccaacat catgcacagc atcaatggct atgtttttga tagtttgcag 2760

ttgtcagttt gtttgcatga ggtggcatac tggtacattc taagcattgg agcacagact 2820

gacttccttt ctgtcttctt ctctggatat accttcaaac acaaaatggt ctatgaagac 2880

acactcaccc tattcccatt ctcaggagaa actgtcttca tgtcgatgga aaacccaggt 2940

ctatggattc tggggtgcca caactcagac tttcggaaca gaggcatgac cgccttactg 3000

aaggtttcta gttgtgacaa gaacactggt gattattacg aggacagtta tgaagatatt 3060

tcagcatact tgctgagtaa aaacaatgcc attgaaccaa gaagcttctc tcaaaaccca 3120

ccagtcttga aacgccatca acgggaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100
ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160
atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220
acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280
catcaccatt ga 5292

<210> 1397

<211> 1766

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1397

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Gly Ala Pro
820 825 830

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
850 855 860
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

885 890 895

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
900 905 910
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
915 920 925
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
930 935 940
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
945 950 955 960

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
965 970 975
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
980 985 990
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
995 1000 1005
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1010 1015 1020

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1025 1030 1035
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1040 1045 1050
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1055 1060 1065
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1070 1075 1080

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1085 1090 1095
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1100 1105 1110
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Arg Ala Gln Ser Gly
1115 1120 1125

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp
1130 1135 1140

Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His
1145 1150 1155
Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn
1160 1165 1170
Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe
1175 1180 1185
Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala
1190 1195 1200

Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr
1205 1210 1215
Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe
1220 1225 1230
Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys
1235 1240 1245
Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
1250 1255 1260

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1265 1270 1275
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1280 1285 1290
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile
1295 1300 1305
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1310 1315 1320

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1325 1330 1335
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1340 1345 1350
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

```
    1355                1360                1365
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1370                1375                1380

Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1385                1390                1395
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1400                1405                1410
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1415                1420                1425
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
    1430                1435                1440

Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1445                1450                1455
Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1460                1465                1470
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1475                1480                1485
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1490                1495                1500

Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1505                1510                1515
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1520                1525                1530
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1535                1540                1545
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1550                1555                1560

Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1565                1570                1575
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1580                1585                1590
```

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1595 1600 1605
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1610 1615 1620

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1625 1630 1635
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1640 1645 1650
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1655 1660 1665
Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1670 1675 1680

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1685 1690 1695
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1700 1705 1710
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1715 1720 1725
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1730 1735 1740

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1745 1750 1755
Thr Gly His His His His His His
1760 1765

<210> 1398
<211> 5301
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1398
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagggc gcgccaggta cgcccgggtc gggaacagcg 2520

tcctcaagcc cgggtagctc gacgccgtca ggagccacag ggtcgccggg atcgtcgact 2580

ccatcaggcg caacgggatc gcctggatca agcactccat ccggagcgac gggaagccca 2640

gggagctccc cgtccgcatc gactgggacg ggacctggag caagccccgg tacgtcgtca 2700

acaggttcgc ctggtgcctc gcctggcacg tccagcacgg ggagccccgg aacgccgggt 2760

tccggaaccg catcctcctc accaggtgcc tcaccgggca cctcatcaac gggatcacca 2820

ggggcttcac cgggaacgag ctcgacgggt tcaccgggag cgtccccggg gacttcgtcg 2880

acaggtagcc caggggcaag ccccggtaca tcgtcaacgg gttccccagg gacaccgggg 2940

agcggtactg catcgtcctc acccggttcc tcgacaccca gcggagccac gggttcgccc 3000

ggtactccgg ggtccggaac ggccagcagc tcacccggtt cctcgacgcc atcaggtgcc 3060

acgggctcgc ctggaacgcc aggctcgggc actgcgagca gcagccctgg atcatcaacg 3120

cctagcggag cgaccggctc ccctggatcg tcaactccct cgggcgcgac tgggagccca 3180

ggaagctcac cgtcggcctc gacgggaaca gggcctggtt cgagcccctc agcttcaaca 3240

ggaacaggtc caggcgcgtc gccaggtaca tcatcgacgg gttcgcctgg gacccctggg 3300

tccggtactg cctcatcatc gcccggatcg tccacccccct cgggagcgac aggttcgcct 3360

gcctcgagca gggctcagag tggcagtgtc cctcagttca agaaagttgt tttccaggaa 3420

tttactgatg gctcctttac tcagccctta taccgtggag aactaaatga acatttggga 3480

ctcctggggc catatataag agcagaagtt gaagataata tcatggtaac tttcagaaat 3540

caggcctctc gtccctattc cttctattct agccttattt cttatgagga agatcagagg 3600

caaggagcag aacctagaaa aaactttgtc aagcctaatg aaaccaaaac ttacttttgg 3660

aaagtgcaac atcatatggc acccactaaa gatgagtttg actgcaaagc ctgggcttat 3720

ttctctgatg ttgacctgga aaaagatgtg cactcaggcc tgattggacc ccttctggtc 3780

tgccacacta acacactgaa ccctgctcat gggagacaag tgacagtaca ggaatttgct 3840

ctgtttttca ccatctttga tgagaccaaa agctggtact tcactgaaaa tatggaaaga 3900

aactgcaggg ctccctgcaa tatccagatg gaagatccca cttttaaaga gaattatcgc 3960

ttccatgcaa tcaatggcta cataatggat acactacctg gcttagtaat ggctcaggat 4020

caaaggattc gatggtatct gctcagcatg ggcagcaatg aaaacatcca ttctattcat 4080

ttcagtggac atgtgttcac tgtacgaaaa aaagaggagt ataaaatggc actgtacaat 4140

ctctatccag gtgtttttga gacagtggaa atgttaccat ccaaagctgg aatttggcgg 4200

gtggaatgcc ttattggcga gcatctacat gctgggatga gcacactttt tctggtgtac 4260

agcaataagt gtcagactcc cctgggaatg gcttctggac acattagaga ttttcagatt 4320

acagcttcag gacaatatgg acagtgggcc ccaaagctgg ccagacttca ttattccgga 4380

tcaatcaatg cctggagcac caaggagccc ttttcttgga tcaaggtgga tctgttggca 4440

ccaatgatta ttcacggcat caagacccag ggtgcccgtc agaagttctc cagcctctac 4500

atctctcagt ttatcatcat gtatagtctt gatgggaaga agtggcagac ttatcgagga 4560

aattccactg gaaccttaat ggtcttcttt ggcaatgtgg attcatctgg gataaaacac 4620

aatattttta accctccaat tattgctcga tacatccgtt tgcacccaac tcattatagc 4680

attcgcagca ctcttcgcat ggagttgatg ggctgtgatt taaatagttg cagcatgcca 4740

ttgggaatgg agagtaaagc aatatcagat gcacagatta ctgcttcatc ctactttacc 4800

aatatgtttg ccacctggtc tccttcaaaa gctcgacttc acctccaagg gaggagtaat 4860

gcctggagac ctcaggtgaa taatccaaaa gagtggctgc aagtggactt ccagaagaca 4920

atgaaagtca caggagtaac tactcaggga gtaaaatctc tgcttaccag catgtatgtg 4980

aaggagttcc tcatctccag cagtcaagat ggccatcagt ggactctctt ttttcagaat 5040

ggcaaagtaa aggtttttca gggaaatcaa gactccttca cacctgtggt gaactctcta 5100

gacccaccgt tactgactcg ctaccttcga attcaccccc agagttgggt gcaccagatt 5160

gccctgagga tggaggttct gggctgcgag gcacaggacc tctacggcgc cggatcacct 5220

ggggccgaaa cggccgaaca aaaactcatc tcagaagagg atctgtcacc tgcaaccggt 5280

catcatcacc atcaccattg a 5301

<210> 1399

<211> 1763

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1399

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
995 1000 1005
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1010 1015 1020
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1025 1030 1035

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1040 1045 1050
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1055 1060 1065
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1070 1075 1080
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
1085 1090 1095

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1100 1105 1110
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1115 1120 1125
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1130 1135 1140
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
1145 1150 1155

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1160 1165 1170
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1175 1180 1185
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1190 1195 1200

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1205 1210 1215

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1220 1225 1230

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1235 1240 1245

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1250 1255 1260

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1265 1270 1275

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1280 1285 1290

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1295 1300 1305

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1310 1315 1320

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1340 1345 1350

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1355 1360 1365

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1370 1375 1380

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1385 1390 1395

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1415 1420 1425

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
1430 1435 1440
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1445 1450 1455

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1460 1465 1470
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1475 1480 1485
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1490 1495 1500
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1505 1510 1515

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1520 1525 1530
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1535 1540 1545
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1550 1555 1560
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1565 1570 1575

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1580 1585 1590
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1595 1600 1605
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1610 1615 1620
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1625 1630 1635

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1640 1645 1650
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1655 1660 1665

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1670 1675 1680

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1685 1690 1695

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1700 1705 1710

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1715 1720 1725

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1730 1735 1740

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1745 1750 1755

His His His His His

1760

<210> 1400

<211> 5292

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1400

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt acgcccgggt cgggaacagc gtcctcaagc 3060

ccgggtagct cgacgccgtc aggagccaca gggtcgccgg gatcgtcgac tccatcaggc 3120

gcaacgggat cgcctggatc aagcactcca tccggagcga cgggaagccc agggagctcc 3180

ccgtccgcat cgactgggac gggacctgga gcaagccccg gtacgtcgtc aacaggttcg 3240

cctggtgcct cgcctggcac gtccagcacg gggagccccg gaacgccggg ttccggaacc 3300

gcatcctcct caccaggtgc ctcaccgggc acctcatcaa cgggatcacc aggggcttca 3360

ccgggaacga gctcgacggg ttcaccggga gcgtccccgg ggacttcgtc gacaggtagc 3420

ccaggggcaa gccccggtac atcgtcaacg ggttccccag ggacaccggg gagcggtact 3480

gcatcgtcct cacccggttc ctcgacaccc agcggagcca cgggttcgcc cggtactccg 3540

gggtccggaa cggccagcag ctcacccggt tcctcgacgc catcaggtgc cacgggctcg 3600

cctggaacgc caggctcggg cactgcgagc agcagccctg gatcatcaac gcctagcgga 3660

gcgaccggct cccctggatc gtcaactccc tcgggcgcga ctgggagccc aggaagctca 3720

ccgtcggcct cgacgggaac agggcctggt tcgagcccct cagcttcaac aggaacaggt 3780

ccaggcgcgt cgccaggtac atcatcgacg ggttcgcctg ggacccctgg gtccggtact 3840

gcctcatcat cgcccggatc gtccaccccc tcgggagcga caggttcgcc tgcctcgagc 3900

gctccctgca atatccagat ggaagatccc acttttaaag agaattatcg cttccatgca 3960

atcaatggct acataatgga tacactacct ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt 4020

cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat gaaaacatcc attctattca tttcagtgga 4080

catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca 4140

ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc 4200

cttattggcg agcatctaca tgctgggatg agcacacttt ttctggtgta cagcaataag 4260

tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga cacattagag attttcagat tacagcttca 4320

ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg gccagacttc attattccgg atcaatcaat 4380

gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt 4440

attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt cagaagttct ccagcctcta catctctcag 4500

tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag aagtggcaga cttatcgagg aaattccact 4560

ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg gattcatctg ggataaaaca caatattttt 4620

aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc 4680

actcttcgca tggagttgat gggctgtgat ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg 4740

gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt actgcttcat cctactttac caatatgttt 4800

gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga 4860

cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg caagtggact tccagaagac aatgaaagtc 4920

acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc 4980

ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag tggactctct tttttcagaa tggcaaagta 5040

aaggtttttc agggaaatca agactccttc acacctgtgg tgaactctct agacccaccg 5100

ttactgactc gctaccttcg aattcacccc cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg 5160

atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa 5220

acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac 5280

catcaccatt ga 5292

<210> 1401

<211> 1501

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1401

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

```
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                1270                1275
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                1285                1290
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr

    1295                1300                1305
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                1315                1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1325                1330                1335
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1340                1345                1350
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile

    1355                1360                1365
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1370                1375                1380
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1385                1390                1395
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1400                1405                1410
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu

    1415                1420                1425
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Gly Ser
    1430                1435                1440
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1445                1450                1455
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
    1460                1465                1470
Ser Glu  Thr Pro Ala Ser Ser  Glu Gln Lys Leu Ile  Ser Glu Glu

    1475                1480                1485
Asp Leu  Ser Pro Ala Thr Gly  His His His His His  His
```

1490 1495 1500

<210> 1402

<211> 4506

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1402

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340
gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760
tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg 4380

cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc 4440

gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 4500

cattga 4506

<210> 1403

<211> 1553

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1403

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1055 1060 1065

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1070 1075 1080

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1085 1090 1095

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1100 1105 1110

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1115 1120 1125

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1130 1135 1140

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1145 1150 1155

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1160 1165 1170

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1175 1180 1185

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1190 1195 1200

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1205 1210 1215

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1220 1225 1230

```
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1235                1240                1245
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1250                1255                1260
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    1265                1270                1275

Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1280                1285                1290
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1295                1300                1305
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    1310                1315                1320
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
    1325                1330                1335

Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1340                1345                1350
Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu
    1355                1360                1365
Gly Met  Glu Ser Lys Ala Ile  Ser Asp Ala Gln Ile  Thr Ala Ser
    1370                1375                1380
Ser Tyr  Phe Thr Asn Met Phe  Ala Thr Trp Ser Pro  Ser Lys Ala
    1385                1390                1395

Arg Leu  His Leu Gln Gly Arg  Ser Asn Ala Trp Arg  Pro Gln Val
    1400                1405                1410
Asn Asn  Pro Lys Glu Trp Leu  Gln Val Asp Phe Gln  Lys Thr Met
    1415                1420                1425
Lys Val  Thr Gly Val Thr Thr  Gln Gly Val Lys Ser  Leu Leu Thr
    1430                1435                1440
Ser Met  Tyr Val Lys Glu Phe  Leu Ile Ser Ser Ser  Gln Asp Gly
    1445                1450                1455

His Gln  Trp Thr Leu Phe Phe  Gln Asn Gly Lys Val  Lys Val Phe
```

1460 1465 1470

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1475 1480 1485

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1490 1495 1500

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1505 1510 1515

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1520 1525 1530

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1535 1540 1545

His His His His His

1550

<210> 1404

<211> 4662

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1404

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640
gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700
aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760
gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820
gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 3180
acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 3240
acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 3300
acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 3360
ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 3420

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 3480
tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 3540
tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 3600
agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 3660
cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 3720
gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 3780
atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 3840

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 3900
aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 3960
gattcatctg ggataaaaca caatatttttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 4020
ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 4080
ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 4140
actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 4200
cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 4260

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 4320

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 4380

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 4440

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 4500

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 4560

ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag 4620

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 4662

<210> 1405

<211> 1661

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1405

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1055 1060 1065

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1085 1090 1095

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1100 1105 1110

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1130 1135 1140
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1145 1150 1155
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1160 1165 1170
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile
1190 1195 1200
Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1205 1210 1215
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1220 1225 1230
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1250 1255 1260
Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro
1265 1270 1275
Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile
1280 1285 1290
Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met
1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu
1310 1315 1320
Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser
1325 1330 1335
Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1340 1345 1350
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1370 1375 1380
Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1385 1390 1395
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1400 1405 1410
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1430 1435 1440
Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1445 1450 1455
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1460 1465 1470
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1490 1495 1500
Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1505 1510 1515
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1520 1525 1530
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1550 1555 1560
Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1565 1570 1575
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1610 1615 1620
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu
1625 1630 1635
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
1640 1645 1650
Thr Gly His His His His His His
1655 1660

<210> 1406

<211> 4986

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1406

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacac ccggatcggg tacagcgtca 3180

tcgagccccg gtgcgtcacc tggtacgtcg agcacggggt cgccaggggc gtcccctggg 3240

acgtcctcaa caggctcgcc cggtgcgtca cccggcacgt cgtccacggg ttcacctggt 3300

agctcccctt ccgcgtccac tggcaccggg cctggaactc cggggagcgg cacagcgagc 3360

tcgtcgccgg gagcatcgcc tgggacatcg agcaccgggt cgccaggagc atcgcccgga 3420

acatccagca caggaagccc cggcgcgtcg cccgggacat caagcacagg ttccccggga 3480

tcgagcacgc cgtccggagc cactggatca ccagggagct cgacaccttc cggcgcaacg 3540

ggatcgcccg gagccagccc gggtacgtca agcactggct cccctgcctc gagcgctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020

tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140

ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440

aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620
gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680
tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740
tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800
actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860
gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc 4920
gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 4980

cattga 4986

<210> 1407

<211> 1805

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1407

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1055 1060 1065

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1085 1090 1095

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1100 1105 1110

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1130 1135 1140

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1145 1150 1155

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1190 1195 1200

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1220 1225 1230

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1280 1285 1290

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1295 1300 1305

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1310 1315 1320

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr

1340 1345 1350

Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met

1355 1360 1365

Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg

1370 1375 1380

Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile

1385 1390 1395

His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr

1400 1405 1410

Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val

1415 1420 1425

Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu

1430 1435 1440

Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val

1445 1450 1455

Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His

1460 1465 1470

Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp

1475 1480 1485

Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala

1490 1495 1500

Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu

1505 1510 1515

Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln

1520 1525 1530

Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser

1535 1540 1545

Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly

1550 1555 1560

Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys

1565 1570 1575

His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu

1580 1585 1590

His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu

1595 1600 1605

Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu

1610 1615 1620

Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe

1625 1630 1635

Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His

1640 1645 1650

Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro

1655 1660 1665

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr

1670 1675 1680

Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr

1685 1690 1695

Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp

1700 1705 1710

Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn

1715 1720 1725

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu

1730 1735 1740

Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln

1745 1750 1755

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu

1760 1765 1770

Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu

1775 1780 1785

Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His

1790 1795 1800

His His

1805

<210> 1408

<211> 5418

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1408

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggacccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacgc ccgggtcggg aacagcgtcc 3180

tcaagcccgg gtagctcgac gccgtcagga gccacagggt cgccgggatc gtcgactcca 3240

tcaggcgcaa cgggatcgcc tggatcaagc actccatccg gagcgacggg aagcccaggg 3300

agctccccgt ccgcatcgac tgggacggga cctggagcaa gccccggtac gtcgtcaaca 3360

ggttcgcctg gtgcctcgcc tggcacgtcc agcacgggga gccccggaac gccgggttcc 3420

ggaaccgcat cctcctcacc aggtgcctca ccgggcacct catcaacggg atcaccaggg 3480

gcttcaccgg gaacgagctc gacgggttca ccgggagcgt ccccggggac ttcgtcgaca 3540

ggtagcccag gggcaagccc cggtacatcg tcaacgggtt ccccagggac accggggagc 3600

ggtactgcat cgtcctcacc cggttcctcg acacccagcg gagccacggg ttcgcccggt 3660

actccggggt ccggaacggc cagcagctca cccggttcct cgacgccatc aggtgccacg 3720

ggctcgcctg gaacgccagg ctcgggcact gcgagcagca gccctggatc atcaacgcct 3780

agcggagcga ccggctcccc tggatcgtca actccctcgg gcgcgactgg gagcccagga 3840

agctcaccgt cggcctcgac gggaacaggg cctggttcga gcccctcagc ttcaacagga 3900

acaggtccag gcgcgtcgcc aggtacatca tcgacgggtt cgcctgggac ccctgggtcc 3960

ggtactgcct catcatcgcc cggatcgtcc acccccctcgg gagcgacagg ttcgcctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt cacccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgccgg atcacctggg 5340

gccgaaacgg ccgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5400

catcaccatc accattga 5418

<210> 1409

<211> 1661

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1409

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1160 1165 1170

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1175 1180 1185

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile

1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1220 1225 1230

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr
1340 1345 1350
Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp
1355 1360 1365
Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys
1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln
1385 1390 1395
Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr
1400 1405 1410
Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val
1415 1420 1425
Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile
1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser
1445 1450 1455
Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser
1460 1465 1470
Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile
1475 1480 1485
Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro
1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1505 1510 1515
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1520 1525 1530
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1535 1540 1545
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu

1625 1630 1635

Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

1640 1645 1650

Thr Gly His His His His His His

1655 1660

<210> 1410

<211> 4986

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1410

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640
ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480
tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 3540
agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagcgctccc 3600
tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660
ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720
tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780
ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900
ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960
actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020
tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080
agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140
ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200
atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440

aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgccggat cacctggggc cgaaacggcc 4920

gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 4980

cattga 4986

<210> 1411

<211> 1769

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1411

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu

1745 1750 1755

Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1760 1765

<210> 1412

<211> 5310

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide

<400> 1412

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540
gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600
acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660
actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720
gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780
acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900
ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcc 5220

ggatcacctg gggccgaaac ggccgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5280

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5310

<210> 1413

<211> 1913

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1413

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1175 1180 1185

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1355 1360 1365

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1385 1390 1395

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1415 1420 1425

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1505 1510 1515

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1520 1525 1530

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1535 1540 1545

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1550 1555 1560

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1565 1570 1575

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1580 1585 1590

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1595 1600 1605

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1610 1615 1620

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1625 1630 1635

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1640 1645 1650

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1655 1660 1665

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1670 1675 1680

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1685 1690 1695

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1700 1705 1710

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1745 1750 1755

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1880 1885 1890

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1895 1900 1905

His His His His His

1910

<210> 1414

<211> 5742

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1414

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acgcccgggt cgggaacagc gtcctcaagc ccgggtagct cgacgccgtc aggagccaca 3540

gggtcgccgg gatcgtcgac tccatcaggc gcaacgggat cgcctggatc aagcactcca 3600

tccggagcga cgggaagccc agggagctcc ccgtccgcat cgactgggac gggacctgga 3660

gcaagccccg gtacgtcgtc aacaggttcg cctggtgcct cgcctggcac gtccagcacg 3720

gggagccccg gaacgccggg ttccggaacc gcatcctcct caccaggtgc ctcaccgggc 3780

acctcatcaa cgggatcacc aggggcttca ccgggaacga gctcgacggg ttcaccggga 3840

gcgtccccgg ggacttcgtc gacaggtagc ccaggggcaa gccccggtac atcgtcaacg 3900

ggttccccag ggacaccggg gagcggtact gcatcgtcct cacccggttc ctcgacaccc 3960

agcggagcca cgggttcgcc cggtactccg gggtccggaa cggccagcag ctcacccggt 4020

tcctcgacgc catcaggtgc cacgggctcg cctggaacgc caggctcggg cactgcgagc 4080

agcagccctg gatcatcaac gcctagcgga gcgaccggct cccctggatc gtcaactccc 4140

tcgggcgcga ctgggagccc aggaagctca ccgtcggcct cgacgggaac agggcctggt 4200

tcgagcccct cagcttcaac aggaacaggt ccaggcgcgt cgccaggtac atcatcgacg 4260

ggttcgcctg ggacccctgg gtccggtact gcctcatcat cgcccggatc gtccaccccc 4320

tcgggagcga caggttcgcc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680
agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740
cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800
gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860
atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920
cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980
aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100
ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160
ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220
actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280
cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340
caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400
ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520
acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580
cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640
ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag 5700
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5742

<210> 1415

<211> 1805

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1415

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110
Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170
Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230
Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1295 1300 1305
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1310 1315 1320

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1325 1330 1335
Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr
1340 1345 1350
Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met
1355 1360 1365
Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg
1370 1375 1380

Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile
1385 1390 1395
His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr
1400 1405 1410
Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val
1415 1420 1425
Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu
1430 1435 1440

Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val
1445 1450 1455
Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His
1460 1465 1470
Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp
1475 1480 1485

```
Ala Pro  Lys Leu Ala Arg Leu  His Tyr Ser Gly Ser  Ile Asn Ala
    1490                1495                1500

Trp Ser  Thr Lys Glu Pro Phe  Ser Trp Ile Lys Val  Asp Leu Leu
    1505                1510                1515
Ala Pro  Met Ile Ile His Gly  Ile Lys Thr Gln Gly  Ala Arg Gln
    1520                1525                1530
Lys Phe  Ser Ser Leu Tyr Ile  Ser Gln Phe Ile Ile  Met Tyr Ser
    1535                1540                1545
Leu Asp  Gly Lys Lys Trp Gln  Thr Tyr Arg Gly Asn  Ser Thr Gly
    1550                1555                1560

Thr Leu  Met Val Phe Phe Gly  Asn Val Asp Ser Ser  Gly Ile Lys
    1565                1570                1575
His Asn  Ile Phe Asn Pro Pro  Ile Ile Ala Arg Tyr  Ile Arg Leu
    1580                1585                1590
His Pro  Thr His Tyr Ser Ile  Arg Ser Thr Leu Arg  Met Glu Leu
    1595                1600                1605
Met Gly  Cys Asp Leu Asn Ser  Cys Ser Met Pro Leu  Gly Met Glu
    1610                1615                1620

Ser Lys  Ala Ile Ser Asp Ala  Gln Ile Thr Ala Ser  Ser Tyr Phe
    1625                1630                1635
Thr Asn  Met Phe Ala Thr Trp  Ser Pro Ser Lys Ala  Arg Leu His
    1640                1645                1650
Leu Gln  Gly Arg Ser Asn Ala  Trp Arg Pro Gln Val  Asn Asn Pro
    1655                1660                1665
Lys Glu  Trp Leu Gln Val Asp  Phe Gln Lys Thr Met  Lys Val Thr
    1670                1675                1680

Gly Val  Thr Thr Gln Gly Val  Lys Ser Leu Leu Thr  Ser Met Tyr
    1685                1690                1695
Val Lys  Glu Phe Leu Ile Ser  Ser Ser Gln Asp Gly  His Gln Trp
    1700                1705                1710
Thr Leu  Phe Phe Gln Asn Gly  Lys Val Lys Val Phe  Gln Gly Asn
```

1715 1720 1725

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu

1730 1735 1740

Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln

1745 1750 1755

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu

1760 1765 1770

Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu

1775 1780 1785

Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His

1790 1795 1800

His His

1805

<210> 1416

<211> 5418

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1416

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc 3960

gctacgcctg agagtggccc tggctctgag ccagccacct ccggctctga aacccctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt caccccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgccgg atcacctggg 5340

gccgaaacgg ccgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5400

catcaccatc accattga 5418

<210> 1417

<211> 1913

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1417

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1355 1360 1365

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1400 1405 1410

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1415 1420 1425

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

```
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1490                 1495                 1500
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1505                 1510                 1515
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1520                 1525                 1530

Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1535                 1540                 1545
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1550                 1555                 1560
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1565                 1570                 1575
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1580                 1585                 1590

Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1595                 1600                 1605
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1610                 1615                 1620
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    1625                 1630                 1635
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1640                 1645                 1650

Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1655                 1660                 1665
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    1670                 1675                 1680
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
    1685                 1690                 1695
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1700                 1705                 1710

Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu
```

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1745 1750 1755

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu

1880 1885 1890

Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His

1895 1900 1905

His His His His His His

1910

<210> 1418

<211> 5742

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1418

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccctc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840
accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900
ggcgcgccag gtacacccgg atcgggtaca gcgtcatcga gccccggtgc gtcacctggt 3960

acgtcgagca cggggtcgcc aggggcgtcc cctgggacgt cctcaacagg ctcgcccggt 4020
gcgtcacccg gcacgtcgtc cacgggttca cctggtagct ccccttccgc gtccactggc 4080
accgggcctg gaactccggg gagcggcaca gcgagctcgt cgccgggagc atcgcctggg 4140
acatcgagca ccgggtcgcc aggagcatcg cccggaacat ccagcacagg aagccccggc 4200
gcgtcgcccg ggacatcaag cacaggttcc ccgggatcga gcacgccgtc cggagccact 4260
ggatcaccag ggagctcgac accttccggc gcaacgggat cgcccggagc cagcccgggt 4320
acgtcaagca ctggctcccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440
ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500
gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560
tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620
tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680
agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740
cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860
atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920
cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980
aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040
gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100
ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160
ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg ccggatcacc tggggccgaa acggccgaac aaaaactcat ctcagaagag 5700

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5742

<210> 1419

<211> 2057

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1419

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
1205 1210 1215
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser
1295 1300 1305
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1310 1315 1320
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1325 1330 1335
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1355 1360 1365
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1370 1375 1380
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1385 1390 1395
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1415 1420 1425
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1430 1435 1440
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1445 1450 1455
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1460 1465 1470

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1475 1480 1485
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1490 1495 1500
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1505 1510 1515
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1520 1525 1530

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
1535 1540 1545
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1550 1555 1560
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1565 1570 1575

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser
1580 1585 1590

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1595 1600 1605
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1610 1615 1620
Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1625 1630 1635
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser
1640 1645 1650

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala
1655 1660 1665
Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu
1670 1675 1680
Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu
1685 1690 1695
His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1700 1705 1710

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1715 1720 1725
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1730 1735 1740
Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1745 1750 1755
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1760 1765 1770

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1775 1780 1785
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1790 1795 1800
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1805 1810 1815

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1820 1825 1830

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1835 1840 1845

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1850 1855 1860

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1865 1870 1875

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1880 1885 1890

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1895 1900 1905

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1910 1915 1920

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1925 1930 1935

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1940 1945 1950

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1955 1960 1965

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1970 1975 1980

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1985 1990 1995

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2000 2005 2010

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2015 2020 2025

Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu

2030 2035 2040

Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050 2055

<210> 1420

<211> 6174

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1420

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccct cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacgcccgg gtcgggaaca gcgtcctcaa gcccgggtag ctcgacgccg 3960

tcaggagcca cagggtcgcc gggatcgtcg actccatcag gcgcaacggg atcgcctgga 4020

tcaagcactc catccggagc gacgggaagc ccagggagct ccccgtccgc atcgactggg 4080

acgggacctg gagcaagccc cggtacgtcg tcaacaggtt cgcctggtgc ctcgcctggc 4140

acgtccagca cggggagccc cggaacgccg ggttccggaa ccgcatcctc ctcaccaggt 4200

gcctcaccgg gcacctcatc aacgggatca ccaggggctt caccgggaac gagctcgacg 4260

ggttcaccgg gagcgtcccc ggggacttcg tcgacaggta gcccaggggc aagccccggt 4320

acatcgtcaa cgggttcccc agggacaccg gggagcggta ctgcatcgtc ctcacccggt 4380

tcctcgacac ccagcggagc cacgggttcg cccggtactc cggggtccgg aacggccagc 4440

agctcacccg gttcctcgac gccatcaggt gccacgggct cgcctggaac gccaggctcg 4500

ggcactgcga gcagcagccc tggatcatca acgcctagcg gagcgaccgg ctcccctgga 4560

tcgtcaactc cctcgggcgc gactgggagc ccaggaagct caccgtcggc ctcgacggga 4620

acagggcctg gttcgagccc ctcagcttca acaggaacag gtccaggcgc gtcgccaggt 4680

acatcatcga cgggttcgcc tgggacccct gggtccggta ctgcctcatc atcgcccgga 4740

tcgtccaccc cctcgggagc gacaggttcg cctgcctcga gcgctccctg caatatccag 4800

atggaagatc ccacttttaa agagaattat cgcttccatg caatcaatgg ctacataatg 4860

gatacactac ctggcttagt aatggctcag gatcaaagga ttcgatggta tctgctcagc 4920

atgggcagca atgaaaacat ccattctatt catttcagtg gacatgtgtt cactgtacga 4980

aaaaaagagg agtataaaat ggcactgtac aatctctatc caggtgtttt tgagacagtg 5040

gaaatgttac catccaaagc tggaatttgg cgggtggaat gccttattgg cgagcatcta 5100
catgctggga tgagcacact ttttctggtg tacagcaata agtgtcagac tcccctggga 5160
atggcttctg gacacattag agattttcag attacagctt caggacaata tggacagtgg 5220
gccccaaagc tggccagact tcattattcc ggatcaatca atgcctggag caccaaggag 5280
ccctttttctt ggatcaaggt ggatctgttg gcaccaatga ttattcacgg catcaagacc 5340
cagggtgccc gtcagaagtt ctccagcctc tacatctctc agtttatcat catgtatagt 5400
cttgatggga agaagtggca gacttatcga ggaaattcca ctggaacctt aatggtcttc 5460

tttggcaatg tggattcatc tgggataaaa cacaatattt ttaaccctcc aattattgct 5520
cgatacatcc gtttgcaccc aactcattat agcattcgca gcactcttcg catggagttg 5580
atgggctgtg atttaaatag ttgcagcatg ccattgggaa tggagagtaa agcaatatca 5640
gatgcacaga ttactgcttc atcctacttt accaatatgt ttgccacctg gtctccttca 5700
aaagctcgac ttcacctcca agggaggagt aatgcctgga gacctcaggt gaataatcca 5760
aaagagtggc tgcaagtgga cttccagaag acaatgaaag tcacaggagt aactactcag 5820
ggagtaaaat ctctgcttac cagcatgtat gtgaaggagt tcctcatctc cagcagtcaa 5880

gatggccatc agtggactct ctttttcag aatggcaaag taaaggtttt tcagggaaat 5940
caagactcct tcacacctgt ggtgaactct ctagacccac cgttactgac tcgctacctt 6000
cgaattcacc cccagagttg ggtgcaccag attgccctga ggatggaggt tctgggctgc 6060
gaggcacagg acctctacgg cgccggatca cctggggccg aaacggccga acaaaaactc 6120
atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6174

<210> 1421
<211> 1585
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1421
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
740 745 750
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

```
Phe Ala  Leu Phe Phe Thr Ile  Phe Asp Glu Thr Lys  Ser Trp Tyr
    1025                1030                1035
Phe Thr  Glu Asn Met Glu Arg  Asn Cys Arg Gly Ala  Pro Gly Ser
    1040                1045                1050
Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1055                1060                1065
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
    1070                1075                1080

Ser Glu  Thr Pro Ala Ser Ser  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu
    1085                1090                1095
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1100                1105                1110
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1115                1120                1125
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1130                1135                1140

His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1145                1150                1155
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1160                1165                1170
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1175                1180                1185
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1190                1195                1200

Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1205                1210                1215
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1220                1225                1230
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1235                1240                1245
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
```

1250 1255 1260

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1265 1270 1275
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1280 1285 1290
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1295 1300 1305
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1310 1315 1320

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1325 1330 1335
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1340 1345 1350
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1355 1360 1365
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1370 1375 1380

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1385 1390 1395
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1400 1405 1410
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1415 1420 1425
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1430 1435 1440

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1445 1450 1455
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1460 1465 1470
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1475 1480 1485

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1490 1495 1500

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1505 1510 1515
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1520 1525 1530
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1535 1540 1545
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser
1550 1555 1560

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
1565 1570 1575
Gly His His His His His His
1580 1585

<210> 1422

<211> 4758

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1422

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggacccctc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 3180

acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 3240

acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 3300

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 3360

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 3420

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 3480

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 3540

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 3600

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 3660

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 3720

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 3780

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 3840

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 3900

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 3960

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 4020

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 4080

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 4140

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 4200

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 4260

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 4320

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 4380

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 4440
acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 4500
cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 4560
ctctacggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 4620
gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 4680
cctgcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 4740
catcaccatc accattga 4758

<210> 1423
<211> 1693
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1423

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
770 775 780
Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg
785 790 795 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1055 1060 1065

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1070 1075 1080
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1085 1090 1095
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr
1100 1105 1110

```
Pro Gly  Ser Gly Thr Ala Ser  Ser Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1115                 1120                 1125

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser
    1130                 1135                 1140
Thr Gly  Ser Pro Gly Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser
    1145                 1150                 1155
Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ser
    1160                 1165                 1170
Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1175                 1180                 1185

Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Ala Ser Ser Ala Pro  Cys Asn Ile
    1190                 1195                 1200
Gln Met  Glu Asp Pro Thr Phe  Lys Glu Asn Tyr Arg  Phe His Ala
    1205                 1210                 1215
Ile Asn  Gly Tyr Ile Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala
    1220                 1225                 1230
Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1235                 1240                 1245

Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1250                 1255                 1260
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1265                 1270                 1275
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1280                 1285                 1290
Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1295                 1300                 1305

Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1310                 1315                 1320
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
    1325                 1330                 1335
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
```

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1505 1510 1515

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1520 1525 1530

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1580 1585 1590
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1610 1615 1620
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1625 1630 1635
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1640 1645 1650
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1655 1660 1665

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser
1670 1675 1680
Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1685 1690

<210> 1424

<211> 5082

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1424

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacac ccggatcggg tacagcgtca 3180

tcgagccccg gtgcgtcacc tggtacgtcg agcacggggt cgccaggggc gtcccctggg 3240

acgtcctcaa caggctcgcc cggtgcgtca cccggcacgt cgtccacggg ttcacctggt 3300

agctcccctt ccgcgtccac tggcaccggg cctggaactc cggggagcgg cacagcgagc 3360

tcgtcgccgg gagcatcgcc tgggacatcg agcaccgggt cgccaggagc atcgcccgga 3420

acatccagca caggaagccc cggcgcgtcg cccgggacat caagcacagg ttccccggga 3480

tcgagcacgc cgtccggagc cactggatca ccagggagct cgacaccttc cggcgcaacg 3540

ggatcgcccg gagccagccc gggtacgtca agcactggct cccctgcctc gagcgctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020

tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140

ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440

aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc 4920

acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc gctacgcctg agagtggccc tggctctgag 4980

ccagccacct ccggctctga aacccctgcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 5040

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5082

<210> 1425

<211> 1837

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1425

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
805 810 815
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1055 1060 1065

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1085 1090 1095

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1100 1105 1110

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1130 1135 1140

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1145 1150 1155

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1190 1195 1200

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1220 1225 1230

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

```
Pro Gly  Ser Ser Pro Ser Ala  Ser Thr Gly Thr Gly  Pro Gly Ser
    1280                 1285                 1290
Ser Pro  Ser Ala Ser Thr Gly  Thr Gly Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1295                 1300                 1305
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala

    1310                 1315                 1320
Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1325                 1330                 1335
Pro Ala  Ser Ser Ala Pro Cys  Asn Ile Gln Met Glu  Asp Pro Thr
    1340                 1345                 1350
Phe Lys  Glu Asn Tyr Arg Phe  His Ala Ile Asn Gly  Tyr Ile Met
    1355                 1360                 1365
Asp Thr  Leu Pro Gly Leu Val  Met Ala Gln Asp Gln  Arg Ile Arg

    1370                 1375                 1380
Trp Tyr  Leu Leu Ser Met Gly  Ser Asn Glu Asn Ile  His Ser Ile
    1385                 1390                 1395
His Phe  Ser Gly His Val Phe  Thr Val Arg Lys Lys  Glu Glu Tyr
    1400                 1405                 1410
Lys Met  Ala Leu Tyr Asn Leu  Tyr Pro Gly Val Phe  Glu Thr Val
    1415                 1420                 1425
Glu Met  Leu Pro Ser Lys Ala  Gly Ile Trp Arg Val  Glu Cys Leu

    1430                 1435                 1440
Ile Gly  Glu His Leu His Ala  Gly Met Ser Thr Leu  Phe Leu Val
    1445                 1450                 1455
Tyr Ser  Asn Lys Cys Gln Thr  Pro Leu Gly Met Ala  Ser Gly His
    1460                 1465                 1470
Ile Arg  Asp Phe Gln Ile Thr  Ala Ser Gly Gln Tyr  Gly Gln Trp
    1475                 1480                 1485
Ala Pro  Lys Leu Ala Arg Leu  His Tyr Ser Gly Ser  Ile Asn Ala

    1490                 1495                 1500
Trp Ser  Thr Lys Glu Pro Phe  Ser Trp Ile Lys Val  Asp Leu Leu
```

1505 1510 1515

Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln

1520 1525 1530

Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser

1535 1540 1545

Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly

1550 1555 1560

Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys

1565 1570 1575

His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu

1580 1585 1590

His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu

1595 1600 1605

Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu

1610 1615 1620

Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe

1625 1630 1635

Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His

1640 1645 1650

Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro

1655 1660 1665

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr

1670 1675 1680

Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr

1685 1690 1695

Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp

1700 1705 1710

Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn

1715 1720 1725

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu

1730 1735 1740

Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln
1745 1750 1755
Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu
1760 1765 1770
Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1775 1780 1785
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1790 1795 1800
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Glu Gln
1805 1810 1815
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
1820 1825 1830
His His His His
1835

<210> 1426

<211> 5514

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1426

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580
agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640
gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700
aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760
gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820
gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacgc ccgggtcggg aacagcgtcc 3180
tcaagcccgg gtagctcgac gccgtcagga gccacagggt cgccgggatc gtcgactcca 3240
tcaggcgcaa cgggatcgcc tggatcaagc actccatccg gagcgacggg aagcccaggg 3300
agctccccgt ccgcatcgac tgggacggga cctggagcaa gccccggtac gtcgtcaaca 3360

ggttcgcctg gtgcctcgcc tggcacgtcc agcacgggga gccccggaac gccgggttcc 3420
ggaaccgcat cctcctcacc aggtgcctca ccgggcacct catcaacggg atcaccaggg 3480
gcttcaccgg gaacgagctc gacgggttca ccgggagcgt ccccggggac ttcgtcgaca 3540
ggtagcccag gggcaagccc cggtacatcg tcaacgggtt ccccagggac accggggagc 3600
ggtactgcat cgtcctcacc cggttcctcg acacccagcg gagccacggg ttcgcccggt 3660
actccggggt ccggaacggc cagcagctca cccggttcct cgacgccatc aggtgccacg 3720
ggctcgcctg gaacgccagg ctcgggcact gcgagcagca gccctggatc atcaacgcct 3780

agcggagcga ccggctcccc tggatcgtca actccctcgg gcgcgactgg gagcccagga 3840
agctcaccgt cggcctcgac gggaacaggg cctggttcga gcccctcagc ttcaacagga 3900
acaggtccag gcgcgtcgcc aggtacatca tcgacgggtt cgcctgggac ccctgggtcc 3960
ggtactgcct catcatcgcc cggatcgtcc acccccctcgg gagcgacagg ttcgcctgcc 4020
tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080
catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140
aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt caccccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgcgcc aggttctcct 5340

gctggctccc ccacctcaac agaagagggg acaagcgaaa gcgctacgcc tgagagtggc 5400

cctggctctg agccagccac ctccggctct gaaacccctg cctcgagcga acaaaaactc 5460

atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 5514

<210> 1427

<211> 1693

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1427

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1160 1165 1170

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1175 1180 1185

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile

1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1220 1225 1230

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1505 1510 1515

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1520 1525 1530

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1625 1630 1635

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1640 1645 1650

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1655 1660 1665

Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1670 1675 1680

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1685 1690

<210> 1428

<211> 5082

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1428

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480
tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 3540
agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagcgctccc 3600
tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660
ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720
tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780
ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900
ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960
actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020
tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080
agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140
ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200
atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320
ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380
cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440
aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500
tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560
gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620
gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740
tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800
actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860
gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc 4920
acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc gctacgcctg agagtggccc tggctctgag 4980
ccagccacct ccggctctga aacccctgcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 5040
gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5082

<210> 1429

<211> 1801

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1429

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095
Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1190 1195 1200
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1205 1210 1215
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala
1220 1225 1230
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1250 1255 1260
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1265 1270 1275
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1280 1285 1290
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro
1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1310 1315 1320
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1325 1330 1335
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1340 1345 1350
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410

```
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1415                 1420                 1425

Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1430                 1435                 1440
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1445                 1450                 1455
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1460                 1465                 1470
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1475                 1480                 1485

Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1490                 1495                 1500
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1505                 1510                 1515
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1520                 1525                 1530
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1535                 1540                 1545

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1550                 1555                 1560
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1565                 1570                 1575
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1580                 1585                 1590
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1595                 1600                 1605

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
```

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser

1730 1735 1740

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1745 1750 1755

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1760 1765 1770

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

1775 1780 1785

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1790 1795 1800

<210> 1430

<211> 5406

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1430

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540

gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600

acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660

actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720

gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780

acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900

ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg 5280

cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc 5340

gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 5400

cattga 5406

<210> 1431

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1431

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

```
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465                 470                 475                 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
```

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050
Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val
1100 1105 1110
Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr
1115 1120 1125
Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys
1130 1135 1140
Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1160 1165 1170
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1175 1180 1185
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1355 1360 1365

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1385 1390 1395

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1415 1420 1425

```
Gly Thr  Ala Ser Ser Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1430                 1435                 1440
Thr Gly  Ser Pro Ala Ser Ser  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu
    1445                 1450                 1455

Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1460                 1465                 1470
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1475                 1480                 1485
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1490                 1495                 1500
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1505                 1510                 1515

Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1520                 1525                 1530
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1535                 1540                 1545
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1550                 1555                 1560
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1565                 1570                 1575

Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1580                 1585                 1590
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1595                 1600                 1605
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1610                 1615                 1620
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    1625                 1630                 1635

Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1640                 1645                 1650
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
```

1655 1660 1665

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1670 1675 1680

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1685 1690 1695

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1700 1705 1710

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1745 1750 1755

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1880 1885 1890

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser
1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
1925 1930 1935

Gly His His His His His His
1940 1945

<210> 1432

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1432

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280
ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400
ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460
gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520
acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580
ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640
ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acgcccgggt cgggaacagc gtcctcaagc ccgggtagct cgacgccgtc aggagccaca 3540

gggtcgccgg gatcgtcgac tccatcaggc gcaacgggat cgcctggatc aagcactcca 3600

tccggagcga cgggaagccc agggagctcc ccgtccgcat cgactgggac gggacctgga 3660

gcaagccccg gtacgtcgtc aacaggttcg cctggtgcct cgcctggcac gtccagcacg 3720

gggagccccg gaacgccggg ttccggaacc gcatcctcct caccaggtgc ctcaccgggc 3780

acctcatcaa cgggatcacc aggggcttca ccgggaacga gctcgacggg ttcaccggga 3840

gcgtccccgg ggacttcgtc gacaggtagc ccaggggcaa gccccggtac atcgtcaacg 3900

ggttccccag ggacaccggg gagcggtact gcatcgtcct cacccggttc ctcgacaccc 3960

agcggagcca cgggttcgcc cggtactccg gggtccggaa cggccagcag ctcacccggt 4020

tcctcgacgc catcaggtgc cacgggctcg cctggaacgc caggctcggg cactgcgagc 4080

agcagccctg gatcatcaac gcctagcgga gcgaccggct cccctggatc gtcaactccc 4140

tcgggcgcga ctgggagccc aggaagctca ccgtcggcct cgacgggaac agggcctggt 4200

tcgagcccct cagcttcaac aggaacaggt ccaggcgcgt cgccaggtac atcatcgacg 4260

ggttcgcctg ggacccctgg gtccggtact gcctcatcat cgcccggatc gtccaccccc 4320

tcgggagcga caggttcgcc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 5700

gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 5760

cctgcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1433

<211> 1837

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1433

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

```
Ser Gly  Leu Ile Gly Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu
    1250                 1255                 1260
Asn Pro  Ala His Gly Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu
    1265                 1270                 1275

Phe Phe  Thr Ile Phe Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu
    1280                 1285                 1290
Asn Met  Glu Arg Asn Cys Arg  Gly Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1295                 1300                 1305
Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1310                 1315                 1320
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1325                 1330                 1335

Pro Ala  Ser Ser Ala Pro Cys  Asn Ile Gln Met Glu  Asp Pro Thr
    1340                 1345                 1350
Phe Lys  Glu Asn Tyr Arg Phe  His Ala Ile Asn Gly  Tyr Ile Met
    1355                 1360                 1365
Asp Thr  Leu Pro Gly Leu Val  Met Ala Gln Asp Gln  Arg Ile Arg
    1370                 1375                 1380
Trp Tyr  Leu Leu Ser Met Gly  Ser Asn Glu Asn Ile  His Ser Ile
    1385                 1390                 1395

His Phe  Ser Gly His Val Phe  Thr Val Arg Lys Lys  Glu Glu Tyr
    1400                 1405                 1410
Lys Met  Ala Leu Tyr Asn Leu  Tyr Pro Gly Val Phe  Glu Thr Val
    1415                 1420                 1425
Glu Met  Leu Pro Ser Lys Ala  Gly Ile Trp Arg Val  Glu Cys Leu
    1430                 1435                 1440
Ile Gly  Glu His Leu His Ala  Gly Met Ser Thr Leu  Phe Leu Val
    1445                 1450                 1455

Tyr Ser  Asn Lys Cys Gln Thr  Pro Leu Gly Met Ala  Ser Gly His
    1460                 1465                 1470
Ile Arg  Asp Phe Gln Ile Thr  Ala Ser Gly Gln Tyr  Gly Gln Trp
```

1475 1480 1485

Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala

1490 1495 1500

Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu

1505 1510 1515

Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln

1520 1525 1530

Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser

1535 1540 1545

Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly

1550 1555 1560

Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys

1565 1570 1575

His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu

1580 1585 1590

His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu

1595 1600 1605

Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu

1610 1615 1620

Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe

1625 1630 1635

Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His

1640 1645 1650

Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro

1655 1660 1665

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr

1670 1675 1680

Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr

1685 1690 1695

Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp

1700 1705 1710

Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn
1715 1720 1725
Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu
1730 1735 1740
Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln
1745 1750 1755

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu
1760 1765 1770
Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1775 1780 1785
Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1790 1795 1800
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Glu Gln
1805 1810 1815

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
1820 1825 1830
His His His His
1835
<210> 1434
<211> 5514
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1434
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400
ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520
gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580
ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940
ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360
agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420
ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840
accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900
ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc 3960

gctacgcctg agagtggccc tggctctgag ccagccacct ccggctctga aacccctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt cacccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgcgcc aggttctcct 5340

gctggctccc ccacctcaac agaagagggg acaagcgaaa gcgctacgcc tgagagtggc 5400

cctggctctg agccagccac ctccggctct gaaacccctg cctcgagcga acaaaaactc 5460

atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 5514

<210> 1435

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1435

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1085 1090 1095
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1100 1105 1110
Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1115 1120 1125
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1145 1150 1155
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
1160 1165 1170
Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
1175 1180 1185
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1355 1360 1365

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1400 1405 1410

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1415 1420 1425

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1445 1450 1455
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1460 1465 1470
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1475 1480 1485
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
1505 1510 1515
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe
1520 1525 1530
Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1535 1540 1545
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
1550 1555 1560

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
1565 1570 1575
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
1580 1585 1590
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1595 1600 1605
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1610 1615 1620

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1625 1630 1635
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1640 1645 1650
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1655 1660 1665
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1670 1675 1680

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1685 1690 1695
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1700 1705 1710
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1715 1720 1725
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1745 1750 1755
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1760 1765 1770
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1775 1780 1785
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1805 1810 1815
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1820 1825 1830
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1835 1840 1845
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1865 1870 1875
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1880 1885 1890
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1895 1900 1905

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser
1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
1925 1930 1935
Gly His His His His His His
1940 1945

<210> 1436

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1436

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacacccgg atcgggtaca gcgtcatcga gccccggtgc gtcacctggt 3960

acgtcgagca cggggtcgcc aggggcgtcc cctgggacgt cctcaacagg ctcgcccggt 4020

gcgtcacccg gcacgtcgtc cacgggttca cctggtagct ccccttccgc gtccactggc 4080

accgggcctg gaactccggg gagcggcaca gcgagctcgt cgccgggagc atcgcctggg 4140

acatcgagca ccgggtcgcc aggagcatcg cccggaacat ccagcacagg aagccccggc 4200

gcgtcgcccg ggacatcaag cacaggttcc ccgggatcga gcacgccgtc cggagccact 4260

ggatcaccag ggagctcgac accttccggc gcaacgggat cgcccggagc cagcccgggt 4320

acgtcaagca ctggctcccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg cgccaggttc tcctgctggc tcccccacct caacagaaga ggggacaagc 5700

gaaagcgcta cgcctgagag tggccctggc tctgagccag ccacctccgg ctctgaaacc 5760

cctgcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1437

<211> 2089

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1437

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1010 1015 1020
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1355 1360 1365

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1385 1390 1395

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1415 1420 1425

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1445 1450 1455

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1460 1465 1470

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1475 1480 1485

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1490 1495 1500

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1505 1510 1515

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1520 1525 1530

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1535 1540 1545

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1550 1555 1560

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1565 1570 1575

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1595 1600 1605

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1610 1615 1620

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1625 1630 1635

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1640 1645 1650

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1655 1660 1665

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1670 1675 1680

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1685 1690 1695

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1700 1705 1710

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1715 1720 1725

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1730 1735 1740

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1745 1750 1755

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1760 1765 1770

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1775 1780 1785

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1790 1795 1800

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1805 1810 1815

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1820 1825 1830

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1835 1840 1845

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1850 1855 1860

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1865 1870 1875

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1880 1885 1890

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1895 1900 1905

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1910 1915 1920

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1925 1930 1935

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1940 1945 1950

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1955 1960 1965

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1970 1975 1980

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1985 1990 1995

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2000 2005 2010

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2015 2020 2025

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2045 2050 2055

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

2060 2065 2070

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

2075 2080 2085

His

<210> 1438

<211> 6270

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1438

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280
cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400
ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520
gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700
gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctccccct cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940
ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360
agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660
catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720
gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780
aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacgcccgg gtcgggaaca gcgtcctcaa gcccgggtag ctcgacgccg 3960

tcaggagcca cagggtcgcc gggatcgtcg actccatcag gcgcaacggg atcgcctgga 4020

tcaagcactc catccggagc gacgggaagc ccagggagct ccccgtccgc atcgactggg 4080

acgggacctg gagcaagccc cggtacgtcg tcaacaggtt cgcctggtgc ctcgcctggc 4140

acgtccagca cggggagccc cggaacgccg ggttccggaa ccgcatcctc ctcaccaggt 4200

gcctcaccgg gcacctcatc aacgggatca ccaggggctt caccgggaac gagctcgacg 4260

ggttcaccgg gagcgtcccc ggggacttcg tcgacaggta gcccaggggc aagccccggt 4320

acatcgtcaa cgggttcccc agggacaccg gggagcggta ctgcatcgtc ctcacccggt 4380

tcctcgacac ccagcggagc cacgggttcg cccggtactc cggggtccgg aacggccagc 4440

agctcacccg gttcctcgac gccatcaggt gccacgggct cgcctggaac gccaggctcg 4500

ggcactgcga gcagcagccc tggatcatca acgcctagcg gagcgaccgg ctcccctgga 4560

tcgtcaactc cctcgggcgc gactgggagc ccaggaagct caccgtcggc ctcgacggga 4620

acagggcctg gttcgagccc ctcagcttca acaggaacag gtccaggcgc gtcgccaggt 4680

acatcatcga cgggttcgcc tgggacccct gggtccggta ctgcctcatc atcgcccgga 4740

tcgtccaccc cctcgggagc gacaggttcg cctgcctcga gcgctccctg caatatccag 4800

atggaagatc ccacttttaa agagaattat cgcttccatg caatcaatgg ctacataatg 4860

gatacactac ctggcttagt aatggctcag gatcaaagga ttcgatggta tctgctcagc 4920

atgggcagca atgaaaacat ccattctatt catttcagtg gacatgtgtt cactgtacga 4980

aaaaaagagg agtataaaat ggcactgtac aatctctatc caggtgtttt tgagacagtg 5040

gaaatgttac catccaaagc tggaatttgg cgggtggaat gccttattgg cgagcatcta 5100

catgctggga tgagcacact ttttctggtg tacagcaata agtgtcagac tcccctggga 5160

atggcttctg gacacattag agattttcag attacagctt caggacaata tggacagtgg 5220

gccccaaagc tggccagact tcattattcc ggatcaatca atgcctggag caccaaggag 5280

ccctttttctt ggatcaaggt ggatctgttg gcaccaatga ttattcacgg catcaagacc 5340

cagggtgccc gtcagaagtt ctccagcctc tacatctctc agtttatcat catgtatagt 5400

cttgatggga agaagtggca gacttatcga ggaaattcca ctggaacctt aatggtcttc 5460

tttggcaatg tggattcatc tgggataaaa cacaatattt ttaaccctcc aattattgct 5520

cgatacatcc gtttgcaccc aactcattat agcattcgca gcactcttcg catggagttg 5580

atgggctgtg atttaaatag ttgcagcatg ccattgggaa tggagagtaa agcaatatca 5640

gatgcacaga ttactgcttc atcctacttt accaatatgt ttgccacctg gtctccttca 5700

aaagctcgac ttcacctcca agggaggagt aatgcctgga gacctcaggt gaataatcca 5760

aaagagtggc tgcaagtgga cttccagaag acaatgaaag tcacaggagt aactactcag 5820

ggagtaaaat ctctgcttac cagcatgtat gtgaaggagt tcctcatctc cagcagtcaa 5880

gatggccatc agtggactct ctttttcag aatggcaaag taaaggtttt tcagggaaat 5940

caagactcct tcacacctgt ggtgaactct ctagacccac cgttactgac tcgctacctt 6000

cgaattcacc cccagagttg ggtgcaccag attgccctga ggatggaggt tctgggctgc 6060

gaggcacagg acctctacgg cgcgccaggt tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa 6120

gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag agtggccctg gctctgagcc agccacctcc 6180

ggctctgaaa cccctgcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 6240

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 6270

<210> 1439

<211> 1693

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1439

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Ser

1040 1045 1050

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1055 1060 1065

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1070 1075 1080

Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1085 1090 1095

```
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1100                1105                1110
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1115                1120                1125
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile

    1130                1135                1140
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys
    1145                1150                1155
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1160                1165                1170
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1175                1180                1185
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu

    1190                1195                1200
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala
    1205                1210                1215
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1220                1225                1230
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1235                1240                1245
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val

    1250                1255                1260
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly
    1265                1270                1275
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1280                1285                1290
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1295                1300                1305
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser

    1310                1315                1320
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
```

1325 1330 1335

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1340 1345 1350

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1355 1360 1365

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1370 1375 1380

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1385 1390 1395

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1400 1405 1410

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1415 1420 1425

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1430 1435 1440

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1445 1450 1455

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1460 1465 1470

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1475 1480 1485

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1490 1495 1500

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1505 1510 1515

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1520 1525 1530

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1535 1540 1545

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1550 1555 1560

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1565 1570 1575

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1580 1585 1590

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1595 1600 1605

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1610 1615 1620

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1625 1630 1635

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1640 1645 1650

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1655 1660 1665

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

1670 1675 1680

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1685 1690

<210> 1440

<211> 5082

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1440

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct ccccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340
tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400
actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460
aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520
aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580
agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640
gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760
gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820
gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 3180
acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 3240
acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 3300
acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 3360
ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 3420
gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 3480
tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 3540

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 3600
agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 3660
cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 3720
gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 3780
atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 3840
cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 3900
aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 3960

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 4020

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 4080

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 4140

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 4200

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 4260

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 4320

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 4380

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 4440

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 4500

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 4560

ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca 4620

tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc 4680

tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca 4740

tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg 4800

cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc 4860

agccccggaa cccctggttc gggtacggcg tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca 4920

agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc 4980

cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 5040

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 5082

<210> 1441

<211> 1801

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1441

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
740 745 750
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
770 775 780
Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1055 1060 1065
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1085 1090 1095
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr
1100 1105 1110
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1115 1120 1125
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1130 1135 1140

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1145 1150 1155
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1160 1165 1170
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1175 1180 1185
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile
1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala
1205 1210 1215
Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala
1220 1225 1230
Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn
1235 1240 1245
Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val
1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg
1505 1510 1515
Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln
1520 1525 1530
Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser
1535 1540 1545
Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser
1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1565 1570 1575
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1580 1585 1590
Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1595 1600 1605
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro
1625 1630 1635
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1640 1645 1650
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1655 1660 1665
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1670 1675 1680

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
1685 1690 1695
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1700 1705 1710
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1715 1720 1725
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1730 1735 1740

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1745 1750 1755
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1760 1765 1770
Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
1775 1780 1785
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
1790 1795 1800

<210>
1442
<211> 5406
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide
<400> 1442

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880
aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940
aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacac ccggatcggg tacagcgtca 3180
tcgagccccg gtgcgtcacc tggtacgtcg agcacggggt cgccaggggc gtcccctggg 3240

acgtcctcaa caggctcgcc cggtgcgtca cccggcacgt cgtccacggg ttcacctggt 3300
agctcccctt ccgcgtccac tggcaccggg cctggaactc cggggagcgg cacagcgagc 3360
tcgtcgccgg gagcatcgcc tgggacatcg agcaccgggt cgccaggagc atcgcccgga 3420
acatccagca caggaagccc cggcgcgtcg cccgggacat caagcacagg ttccccggga 3480
tcgagcacgc cgtccggagc cactggatca ccagggagct cgacaccttc cggcgcaacg 3540
ggatcgcccg gagccagccc gggtacgtca agcactggct cccctgcctc gagcgctccc 3600
tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720
tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780
ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840
tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900
ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960
actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020
tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140
ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200
atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260
ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320
ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380
cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440
aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccac ccgggtcgtc cccgtcggcg 4920

tccaccggaa cagggccagg gtcatccccg tcagcgtcga ctgggacggg acccgggaca 4980

cccggttcgg ggactgcatc ctcctcgcct ggttcgtcca ccccgtcagg agccacgggt 5040

tcgccgggaa gcagcccaag cgcatccact ggtacagggc ctggggcttc accgggtact 5100

tcatccacgg ggtcaccggg aacgcccgga tcggggacgg cttcctcatc accaggatcg 5160

tcaacaccct cgggcgcaac gggcagcccc ggaacccctg gttcgggtac ggcgtcgtcg 5220

agccccggtg cgagcccggg aacaagctcg acaggatcgc ctggggcgtc acccggcacg 5280

tcgagcacag gcagccccgg aacccctgga tcgggaaccg cgtcgtcaag cgcctcgagc 5340

gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 5400

cattga 5406

<210> 1443

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1443

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
820 825 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
835 840 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865 870 875 880
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
885 890 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
900 905 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
930 935 940
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945 950 955 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
965 970 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr
995 1000 1005
Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1055 1060 1065

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1085 1090 1095

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1100 1105 1110

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1130 1135 1140

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1145 1150 1155

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1190 1195 1200

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1220 1225 1230

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1280 1285 1290

```
Ser Pro  Ser Ala Ser Thr Gly  Thr Gly Pro Gly Ala  Ser Pro Gly
    1295                 1300                 1305
Thr Ser  Ser Thr Gly Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala
    1310                 1315                 1320
Ser Ser  Ser Pro Gly Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser
    1325                 1330                 1335
Pro Ala  Ser Ser Ala Pro Cys  Asn Ile Gln Met Glu  Asp Pro Thr
    1340                 1345                 1350

Phe Lys  Glu Asn Tyr Arg Phe  His Ala Ile Asn Gly  Tyr Ile Met
    1355                 1360                 1365
Asp Thr  Leu Pro Gly Leu Val  Met Ala Gln Asp Gln  Arg Ile Arg
    1370                 1375                 1380
Trp Tyr  Leu Leu Ser Met Gly  Ser Asn Glu Asn Ile  His Ser Ile
    1385                 1390                 1395
His Phe  Ser Gly His Val Phe  Thr Val Arg Lys Lys  Glu Glu Tyr
    1400                 1405                 1410

Lys Met  Ala Leu Tyr Asn Leu  Tyr Pro Gly Val Phe  Glu Thr Val
    1415                 1420                 1425
Glu Met  Leu Pro Ser Lys Ala  Gly Ile Trp Arg Val  Glu Cys Leu
    1430                 1435                 1440
Ile Gly  Glu His Leu His Ala  Gly Met Ser Thr Leu  Phe Leu Val
    1445                 1450                 1455
Tyr Ser  Asn Lys Cys Gln Thr  Pro Leu Gly Met Ala  Ser Gly His
    1460                 1465                 1470

Ile Arg  Asp Phe Gln Ile Thr  Ala Ser Gly Gln Tyr  Gly Gln Trp
    1475                 1480                 1485
Ala Pro  Lys Leu Ala Arg Leu  His Tyr Ser Gly Ser  Ile Asn Ala
    1490                 1495                 1500
Trp Ser  Thr Lys Glu Pro Phe  Ser Trp Ile Lys Val  Asp Leu Leu
    1505                 1510                 1515
Ala Pro  Met Ile Ile His Gly  Ile Lys Thr Gln Gly  Ala Arg Gln
```

1520 1525 1530

Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser
1535 1540 1545
Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly
1550 1555 1560
Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys
1565 1570 1575
His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu
1580 1585 1590

His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu
1595 1600 1605
Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu
1610 1615 1620
Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe
1625 1630 1635
Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His
1640 1645 1650

Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro
1655 1660 1665
Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr
1670 1675 1680
Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr
1685 1690 1695
Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp
1700 1705 1710

Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn
1715 1720 1725
Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu
1730 1735 1740
Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln
1745 1750 1755

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu
1760 1765 1770

Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1775 1780 1785
Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1790 1795 1800
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1805 1810 1815
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1820 1825 1830

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1835 1840 1845
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1850 1855 1860
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1865 1870 1875
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1880 1885 1890

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1895 1900 1905
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser
1910 1915 1920
Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr
1925 1930 1935
Gly His His His His His His
1940 1945

<210> 1444

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1444

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacgc ccgggtcggg aacagcgtcc 3180

tcaagcccgg gtagctcgac gccgtcagga gccacagggt cgccgggatc gtcgactcca 3240

tcaggcgcaa cgggatcgcc tggatcaagc actccatccg gagcgacggg aagcccaggg 3300

agctccccgt ccgcatcgac tgggacggga cctggagcaa gccccggtac gtcgtcaaca 3360

ggttcgcctg gtgcctcgcc tggcacgtcc agcacgggga gccccggaac gccgggttcc 3420

ggaaccgcat cctcctcacc aggtgcctca ccgggcacct catcaacggg atcaccaggg 3480

gcttcaccgg gaacgagctc gacgggttca ccgggagcgt ccccggggac ttcgtcgaca 3540

ggtagcccag gggcaagccc cggtacatcg tcaacgggtt ccccagggac accggggagc 3600

ggtactgcat cgtcctcacc cggttcctcg acacccagcg gagccacggg ttcgcccggt 3660

actccggggt ccggaacggc cagcagctca cccggttcct cgacgccatc aggtgccacg 3720

ggctcgcctg gaacgccagg ctcgggcact gcgagcagca gccctggatc atcaacgcct 3780

agcggagcga ccggctcccc tggatcgtca actccctcgg gcgcgactgg gagcccagga 3840

agctcaccgt cggcctcgac gggaacaggg cctggttcga gcccctcagc ttcaacagga 3900

acaggtccag gcgcgtcgcc aggtacatca tcgacgggtt cgcctgggac ccctgggtcc 3960

ggtactgcct catcatcgcc cggatcgtcc acccccctcgg gagcgacagg ttcgcctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt caccccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgcgcc acccgggtcg 5340

tccccgtcgg cgtccaccgg aacagggcca gggtcatccc cgtcagcgtc gactgggacg 5400

ggacccggga cacccggttc ggggactgca tcctcctcgc ctggttcgtc caccccgtca 5460
ggagccacgg gttcgccggg aagcagccca agcgcatcca ctggtacagg gcctggggct 5520
tcaccgggta cttcatccac ggggtcaccg ggaacgcccg gatcggggac ggcttcctca 5580
tcaccaggat cgtcaacacc ctcgggcgca acgggcagcc ccggaacccc tggttcgggt 5640
acggcgtcgt cgagccccgg tgcgagcccg ggaacaagct cgacaggatc gcctggggcg 5700
tcacccggca cgtcgagcac aggcagcccc ggaacccctg gatcgggaac cgcgtcgtca 5760
agcgcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1445
<211> 1801
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1445

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1160 1165 1170

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1175 1180 1185

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile

1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1220 1225 1230

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

1445 1450 1455

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

1460 1465 1470

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

1490 1495 1500

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

1505 1510 1515

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

1520 1525 1530

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

1535 1540 1545

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

1550 1555 1560

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

1565 1570 1575

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

1595 1600 1605

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

1610 1615 1620

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro

1625 1630 1635

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1640 1645 1650

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1655 1660 1665

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1670 1675 1680

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1685 1690 1695

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1700 1705 1710

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1715 1720 1725

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1730 1735 1740

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1745 1750 1755

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1760 1765 1770

Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu

1775 1780 1785

Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His

1790 1795 1800

<210> 1446

<211> 5406

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1446

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 3540

agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagcgctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020

tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140

ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440

aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccac ccgggtcgtc cccgtcggcg 4920

tccaccggaa cagggccagg gtcatccccg tcagcgtcga ctgggacggg acccgggaca 4980

cccggttcgg ggactgcatc ctcctcgcct ggttcgtcca ccccgtcagg agccacgggt 5040

tcgccgggaa gcagcccaag cgcatccact ggtacagggc ctggggcttc accgggtact 5100

tcatccacgg ggtcaccggg aacgcccgga tcggggacgg cttcctcatc accaggatcg 5160

tcaacaccct cgggcgcaac gggcagcccc ggaacccctg gttcgggtac ggcgtcgtcg 5220

agccccggtg cgagcccggg aacaagctcg acaggatcgc ctggggcgtc acccggcacg 5280
tcgagcacag gcagccccgg aacccctgga tcgggaaccg cgtcgtcaag cgcctcgagc 5340
gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 5400
cattga 5406

<210> 1447

<211> 1909

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1447

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1370 1375 1380
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1400 1405 1410
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1415 1420 1425
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1430 1435 1440
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1460 1465 1470
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1475 1480 1485
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1490 1495 1500
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1520 1525 1530
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1535 1540 1545
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1550 1555 1560
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1580 1585 1590
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1610 1615 1620

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1625 1630 1635

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1640 1645 1650

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1655 1660 1665

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1670 1675 1680

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1685 1690 1695

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1700 1705 1710

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1715 1720 1725

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly

1730 1735 1740

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

1745 1750 1755

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1760 1765 1770

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1775 1780 1785

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1790 1795 1800

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1805 1810 1815

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1820 1825 1830

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1835 1840 1845

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1850 1855 1860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1865 1870 1875

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

1880 1885 1890

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

1895 1900 1905

His

<210> 1448

<211> 5730

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1448

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640
ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700
cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760
gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820
aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880
aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940
ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060
gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120
ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180
aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240
cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300
aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360
cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540
gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600
acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660
actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720
gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780
acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900
ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccacccgggt cgtccccgtc ggcgtccacc ggaacagggc cagggtcatc cccgtcagcg 5280

tcgactggga cgggacccgg gacacccggt tcggggactg catcctcctc gcctggttcg 5340

tccaccccgt caggagccac gggttcgccg ggaagcagcc caagcgcatc cactggtaca 5400

gggcctgggg cttcaccggg tacttcatcc acggggtcac cgggaacgcc cggatcgggg 5460

acggcttcct catcaccagg atcgtcaaca ccctcgggcg caacgggcag ccccggaacc 5520

cctggttcgg gtacggcgtc gtcgagcccc ggtgcgagcc cgggaacaag ctcgacagga 5580

tcgcctgggg cgtcacccgg cacgtcgagc acaggcagcc ccggaacccc tggatcggga 5640

accgcgtcgt caagcgcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 5700

gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 5730

<210> 1449

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1449

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1175 1180 1185

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1355 1360 1365

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1385 1390 1395

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1415 1420 1425

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

```
Asp Pro  Thr Phe Lys Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly
    1460                1465                1470
Tyr Ile  Met Asp Thr Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln
    1475                1480                1485
Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile
    1490                1495                1500
His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys

    1505                1510                1515
Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe
    1520                1525                1530
Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val
    1535                1540                1545
Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu
    1550                1555                1560
Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala

    1565                1570                1575
Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr
    1580                1585                1590
Gly Gln  Trp Ala Pro Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser
    1595                1600                1605
Ile Asn  Ala Trp Ser Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val
    1610                1615                1620
Asp Leu  Leu Ala Pro Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly

    1625                1630                1635
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1640                1645                1650
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1655                1660                1665
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser
    1670                1675                1680
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
```

1685 1690 1695

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1700 1705 1710

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1745 1750 1755

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1880 1885 1890

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1895 1900 1905

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1910 1915 1920

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1925 1930 1935

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1940 1945 1950

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1955 1960 1965

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1970 1975 1980

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1985 1990 1995

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2000 2005 2010

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2015 2020 2025

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1450

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1450

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acgcccgggt cgggaacagc gtcctcaagc ccgggtagct cgacgccgtc aggagccaca 3540

gggtcgccgg gatcgtcgac tccatcaggc gcaacgggat cgcctggatc aagcactcca 3600

tccggagcga cgggaagccc agggagctcc ccgtccgcat cgactgggac gggacctgga 3660

gcaagccccg gtacgtcgtc aacaggttcg cctggtgcct cgcctggcac gtccagcacg 3720

gggagccccg gaacgccggg ttccggaacc gcatcctcct caccaggtgc ctcaccgggc 3780

acctcatcaa cgggatcacc aggggcttca ccgggaacga gctcgacggg ttcaccggga 3840

gcgtccccgg ggacttcgtc gacaggtagc ccaggggcaa gccccggtac atcgtcaacg 3900

ggttccccag ggacaccggg gagcggtact gcatcgtcct cacccggttc ctcgacaccc 3960

agcggagcca cgggttcgcc cggtactccg gggtccggaa cggccagcag ctcacccggt 4020

tcctcgacgc catcaggtgc cacgggctcg cctggaacgc caggctcggg cactgcgagc 4080

agcagccctg gatcatcaac gcctagcgga gcgaccggct cccctggatc gtcaactccc 4140
tcgggcgcga ctgggagccc aggaagctca ccgtcggcct cgacgggaac agggcctggt 4200
tcgagcccct cagcttcaac aggaacaggt ccaggcgcgt cgccaggtac atcatcgacg 4260
ggttcgcctg ggacccctgg gtccggtact gcctcatcat cgcccggatc gtccaccccc 4320
tcgggagcga caggttcgcc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380
acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440
ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560
tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620
tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680
agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740
cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800
gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860
atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980
aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040
gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100
ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160
ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220
actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280
cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400
ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460
tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520
acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580
cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640
ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca 5700
tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc 5760

tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca 5820

tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg 5880

cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc 5940

agccccggaa cccctggttc gggtacggcg tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca 6000

agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc 6060

cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1451

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1451

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

```
Gln Phe  Lys Lys Val Val Phe  Gln Glu Phe Thr Asp  Gly Ser Phe
    1130                1135                1140
Thr Gln  Pro Leu Tyr Arg Gly  Glu Leu Asn Glu His  Leu Gly Leu
    1145                1150                1155
Leu Gly  Pro Tyr Ile Arg Ala  Glu Val Glu Asp Asn  Ile Met Val
    1160                1165                1170
Thr Phe  Arg Asn Gln Ala Ser  Arg Pro Tyr Ser Phe  Tyr Ser Ser
    1175                1180                1185

Leu Ile  Ser Tyr Glu Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg
    1190                1195                1200
Lys Asn  Phe Val Lys Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys
    1205                1210                1215
Val Gln  His His Met Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys
    1220                1225                1230
Ala Trp  Ala Tyr Phe Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His
    1235                1240                1245

Ser Gly  Leu Ile Gly Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu
    1250                1255                1260
Asn Pro  Ala His Gly Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu
    1265                1270                1275
Phe Phe  Thr Ile Phe Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu
    1280                1285                1290
Asn Met  Glu Arg Asn Cys Arg  Gly Ala Pro Gly Ser  Pro Ala Gly
    1295                1300                1305

Ser Pro  Thr Ser Thr Glu Glu  Gly Thr Ser Glu Ser  Ala Thr Pro
    1310                1315                1320
Glu Ser  Gly Pro Gly Ser Glu  Pro Ala Thr Ser Gly  Ser Glu Thr
    1325                1330                1335
Pro Ala  Ser Ser Ala Pro Cys  Asn Ile Gln Met Glu  Asp Pro Thr
    1340                1345                1350
Phe Lys  Glu Asn Tyr Arg Phe  His Ala Ile Asn Gly  Tyr Ile Met
```

1355 1360 1365

Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg
1370 1375 1380
Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile
1385 1390 1395
His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr
1400 1405 1410
Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val
1415 1420 1425

Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu
1430 1435 1440
Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val
1445 1450 1455
Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His
1460 1465 1470
Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp
1475 1480 1485

Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala
1490 1495 1500
Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu
1505 1510 1515
Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln
1520 1525 1530
Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser
1535 1540 1545

Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly
1550 1555 1560
Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys
1565 1570 1575
His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu
1580 1585 1590

His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu
1595 1600 1605

Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu
1610 1615 1620
Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe
1625 1630 1635
Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His
1640 1645 1650
Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro
1655 1660 1665

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr
1670 1675 1680
Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr
1685 1690 1695
Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp
1700 1705 1710
Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn
1715 1720 1725

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu
1730 1735 1740
Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln
1745 1750 1755
Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu
1760 1765 1770
Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1775 1780 1785

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1790 1795 1800
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1805 1810 1815
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1820 1825 1830

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1835 1840 1845

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1850 1855 1860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1865 1870 1875

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1880 1885 1890

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser

1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

1925 1930 1935

Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1452

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1452

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccctc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc 3960

gctacgcctg agagtggccc tggctctgag ccagccacct ccggctctga aacccctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt cacccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgcgcc acccgggtcg 5340

tccccgtcgg cgtccaccgg aacagggcca gggtcatccc cgtcagcgtc gactgggacg 5400

ggacccggga cacccggttc ggggactgca tcctcctcgc ctggttcgtc caccccgtca 5460

ggagccacgg gttcgccggg aagcagccca agcgcatcca ctggtacagg gcctggggct 5520

tcaccgggta cttcatccac ggggtcaccg ggaacgcccg gatcggggac ggcttcctca 5580

tcaccaggat cgtcaacacc ctcgggcgca acgggcagcc ccggaacccc tggttcgggt 5640

acggcgtcgt cgagccccgg tgcgagcccg ggaacaagct cgacaggatc gcctggggcg 5700

tcacccggca cgtcgagcac aggcagcccc ggaacccctg gatcgggaac cgcgtcgtca 5760

agcgcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1453

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1453

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1355 1360 1365

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1400 1405 1410

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1415 1420 1425

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1505 1510 1515

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1520 1525 1530

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1535 1540 1545

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1550 1555 1560

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1565 1570 1575

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1580 1585 1590

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1595 1600 1605

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1610 1615 1620

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1625 1630 1635

```
Ala Arg  Gln Lys Phe Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile
    1640                1645                1650
Met Tyr  Ser Leu Asp Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn
    1655                1660                1665
Ser Thr  Gly Thr Leu Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser

    1670                1675                1680
Gly Ile  Lys His Asn Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr
    1685                1690                1695
Ile Arg  Leu His Pro Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg
    1700                1705                1710
Met Glu  Leu Met Gly Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu
    1715                1720                1725
Gly Met  Glu Ser Lys Ala Ile  Ser Asp Ala Gln Ile  Thr Ala Ser

    1730                1735                1740
Ser Tyr  Phe Thr Asn Met Phe  Ala Thr Trp Ser Pro  Ser Lys Ala
    1745                1750                1755
Arg Leu  His Leu Gln Gly Arg  Ser Asn Ala Trp Arg  Pro Gln Val
    1760                1765                1770
Asn Asn  Pro Lys Glu Trp Leu  Gln Val Asp Phe Gln  Lys Thr Met
    1775                1780                1785
Lys Val  Thr Gly Val Thr Thr  Gln Gly Val Lys Ser  Leu Leu Thr

    1790                1795                1800
Ser Met  Tyr Val Lys Glu Phe  Leu Ile Ser Ser Ser  Gln Asp Gly
    1805                1810                1815
His Gln  Trp Thr Leu Phe Phe  Gln Asn Gly Lys Val  Lys Val Phe
    1820                1825                1830
Gln Gly  Asn Gln Asp Ser Phe  Thr Pro Val Val Asn  Ser Leu Asp
    1835                1840                1845
Pro Pro  Leu Leu Thr Arg Tyr  Leu Arg Ile His Pro  Gln Ser Trp

    1850                1855                1860
Val His  Gln Ile Ala Leu Arg  Met Glu Val Leu Gly  Cys Glu Ala
```

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1880 1885 1890

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1895 1900 1905

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1910 1915 1920

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1925 1930 1935

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1940 1945 1950

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1955 1960 1965

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1970 1975 1980

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1985 1990 1995

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2000 2005 2010

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2015 2020 2025

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1454

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1454

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400
ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520
gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580
ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940
ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360
agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420
ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacacccgg atcgggtaca gcgtcatcga gccccggtgc gtcacctggt 3960

acgtcgagca cggggtcgcc aggggcgtcc cctgggacgt cctcaacagg ctcgcccggt 4020

gcgtcacccg gcacgtcgtc cacgggttca cctggtagct ccccttccgc gtccactggc 4080

accgggcctg gaactccggg gagcggcaca gcgagctcgt cgccgggagc atcgcctggg 4140

acatcgagca ccgggtcgcc aggagcatcg cccggaacat ccagcacagg aagccccggc 4200

gcgtcgcccg ggacatcaag cacaggttcc ccgggatcga gcacgccgtc cggagccact 4260

ggatcaccag ggagctcgac accttccggc gcaacgggat cgcccggagc cagcccgggt 4320

acgtcaagca ctggctcccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg cgccacccgg gtcgtccccg tcggcgtcca ccggaacagg gccagggtca 5700

tccccgtcag cgtcgactgg gacgggaccc gggacacccg gttcggggac tgcatcctcc 5760

tcgcctggtt cgtccacccc gtcaggagcc acgggttcgc cgggaagcag cccaagcgca 5820

tccactggta cagggcctgg ggcttcaccg ggtacttcat ccacggggtc accgggaacg 5880

cccggatcgg ggacggcttc ctcatcacca ggatcgtcaa caccctcggg cgcaacgggc 5940

agccccggaa cccctggttc gggtacggcg tcgtcgagcc ccggtgcgag cccgggaaca 6000

agctcgacag gatcgcctgg ggcgtcaccc ggcacgtcga gcacaggcag ccccggaacc 6060

cctggatcgg gaaccgcgtc gtcaagcgcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1455

<211> 2197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1455

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser

740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
965 970 975
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
995 1000 1005
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1010 1015 1020
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser
1025 1030 1035
Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr
1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
1055 1060 1065
Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1310 1315 1320
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1325 1330 1335
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1355 1360 1365
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1370 1375 1380
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1385 1390 1395
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1415 1420 1425
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1430 1435 1440
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1445 1450 1455
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1460 1465 1470

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1475 1480 1485
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1490 1495 1500
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1505 1510 1515
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1520 1525 1530

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1535 1540 1545

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1550 1555 1560

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1565 1570 1575

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1595 1600 1605

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1610 1615 1620

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1625 1630 1635

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1640 1645 1650

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1655 1660 1665

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1670 1675 1680

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1685 1690 1695

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1700 1705 1710

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1715 1720 1725

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1730 1735 1740

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1745 1750 1755

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1760 1765 1770

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1775 1780 1785
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1790 1795 1800
Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1805 1810 1815
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1820 1825 1830

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1835 1840 1845
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1850 1855 1860
Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1865 1870 1875
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1880 1885 1890

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1895 1900 1905
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1910 1915 1920
Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1925 1930 1935
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1940 1945 1950

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1955 1960 1965
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1970 1975 1980
Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1985 1990 1995
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2000 2005 2010

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala
2015 2020 2025
Pro Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
2030 2035 2040
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
2045 2050 2055
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
2060 2065 2070

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
2075 2080 2085
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2090 2095 2100
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2105 2110 2115
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
2120 2125 2130

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2135 2140 2145
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2150 2155 2160
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser Glu Gln
2165 2170 2175
Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His
2180 2185 2190

His His His His
2195

<210> 1456

<211> 6594

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1456

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacgcccgg gtcgggaaca gcgtcctcaa gcccgggtag ctcgacgccg 3960

tcaggagcca cagggtcgcc gggatcgtcg actccatcag gcgcaacggg atcgcctgga 4020

tcaagcactc catccggagc gacgggaagc ccagggagct ccccgtccgc atcgactggg 4080

acgggacctg gagcaagccc cggtacgtcg tcaacaggtt cgcctggtgc ctcgcctggc 4140

acgtccagca cggggagccc cggaacgccg ggttccggaa ccgcatcctc ctcaccaggt 4200

gcctcaccgg gcacctcatc aacgggatca ccaggggctt caccgggaac gagctcgacg 4260

ggttcaccgg gagcgtcccc ggggacttcg tcgacaggta gcccaggggc aagccccggt 4320

acatcgtcaa cgggttcccc agggacaccg gggagcggta ctgcatcgtc ctcacccggt 4380

tcctcgacac ccagcggagc cacgggttcg cccggtactc cggggtccgg aacggccagc 4440

agctcacccg gttcctcgac gccatcaggt gccacgggct cgcctggaac gccaggctcg 4500

ggcactgcga gcagcagccc tggatcatca acgcctagcg gagcgaccgg ctcccctgga 4560

tcgtcaactc cctcgggcgc gactgggagc ccaggaagct caccgtcggc ctcgacggga 4620

acagggcctg gttcgagccc ctcagcttca acaggaacag gtccaggcgc gtcgccaggt 4680

acatcatcga cgggttcgcc tgggacccct gggtccggta ctgcctcatc atcgcccgga 4740

tcgtccaccc cctcgggagc gacaggttcg cctgcctcga gcgctccctg caatatccag 4800

atggaagatc ccacttttaa agagaattat cgcttccatg caatcaatgg ctacataatg 4860

gatacactac ctggcttagt aatggctcag gatcaaagga ttcgatggta tctgctcagc 4920

atgggcagca atgaaaacat ccattctatt catttcagtg gacatgtgtt cactgtacga 4980

aaaaaagagg agtataaaat ggcactgtac aatctctatc caggtgtttt tgagacagtg 5040

gaaatgttac catccaaagc tggaatttgg cgggtggaat gccttattgg cgagcatcta 5100

catgctggga tgagcacact ttttctggtg tacagcaata agtgtcagac tcccctggga 5160

atggcttctg gacacattag agattttcag attacagctt caggacaata tggacagtgg 5220

gccccaaagc tggccagact tcattattcc ggatcaatca atgcctggag caccaaggag 5280

ccctttttctt ggatcaaggt ggatctgttg gcaccaatga ttattcacgg catcaagacc 5340

cagggtgccc gtcagaagtt ctccagcctc tacatctctc agtttatcat catgtatagt 5400
cttgatggga agaagtggca gacttatcga ggaaattcca ctggaacctt aatggtcttc 5460
tttggcaatg tggattcatc tgggataaaa cacaatattt ttaaccctcc aattattgct 5520
cgatacatcc gtttgcaccc aactcattat agcattcgca gcactcttcg catggagttg 5580
atgggctgtg atttaaatag ttgcagcatg ccattgggaa tggagagtaa agcaatatca 5640
gatgcacaga ttactgcttc atcctacttt accaatatgt ttgccacctg gtctccttca 5700
aaagctcgac ttcacctcca agggaggagt aatgcctgga gacctcaggt gaataatcca 5760

aaagagtggc tgcaagtgga cttccagaag acaatgaaag tcacaggagt aactactcag 5820
ggagtaaaat ctctgcttac cagcatgtat gtgaaggagt tcctcatctc cagcagtcaa 5880
gatggccatc agtggactct ctttttttcag aatggcaaag taaaggtttt tcagggaaat 5940
caagactcct tcacacctgt ggtgaactct ctagacccac cgttactgac tcgctacctt 6000
cgaattcacc cccagagttg ggtgcaccag attgccctga ggatggaggt tctgggctgc 6060
gaggcacagg acctctacgg cgcgccaccc gggtcgtccc cgtcggcgtc caccggaaca 6120
gggccagggt catccccgtc agcgtcgact gggacgggac ccgggacacc cggttcgggg 6180

actgcatcct cctcgcctgg ttcgtccacc ccgtcaggag ccacgggttc gccgggaagc 6240
agcccaagcg catccactgg tacagggcct ggggcttcac cgggtacttc atccacgggg 6300
tcaccgggaa cgcccggatc ggggacggct tcctcatcac caggatcgtc aacaccctcg 6360
ggcgcaacgg gcagccccgg aacccctggt tcgggtacgg cgtcgtcgag ccccggtgcg 6420
agcccgggaa caagctcgac aggatcgcct ggggcgtcac ccggcacgtc gagcacaggc 6480
agccccggaa cccctggatc gggaaccgcg tcgtcaagcg cctcgagcga acaaaaactc 6540
atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6594

<210> 1457
<211> 1837
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1457
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

```
        755                 760                 765
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
    770                 775                 780
Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg
785                 790                 795                 800
Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile
                805                 810                 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu
            820                 825                 830
Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile
        835                 840                 845
Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
    850                 855                 860
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
865                 870                 875                 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr
                885                 890                 895
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
            900                 905                 910
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser
        915                 920                 925
Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
    930                 935                 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
945                 950                 955                 960
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
                965                 970                 975
Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
            980                 985                 990
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile  Gly Pro Leu Leu Val  Cys His Thr
        995                 1000                1005
```

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu
1010 1015 1020
Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Ser
1040 1045 1050
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1055 1060 1065

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
1070 1075 1080
Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
1085 1090 1095
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
1100 1105 1110
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
1115 1120 1125

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
1130 1135 1140
His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
1145 1150 1155
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe
1160 1165 1170
Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1175 1180 1185

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
1190 1195 1200
Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
1205 1210 1215
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
1220 1225 1230
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1235 1240 1245

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
1250 1255 1260
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1265 1270 1275
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1280 1285 1290
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1295 1300 1305

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
1310 1315 1320
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1325 1330 1335
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1340 1345 1350
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1355 1360 1365

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
1370 1375 1380
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1385 1390 1395
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
1400 1405 1410
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
1415 1420 1425

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
1430 1435 1440
Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
1445 1450 1455
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
1460 1465 1470

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
1475 1480 1485

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
1490 1495 1500
Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
1505 1510 1515
Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1520 1525 1530
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1535 1540 1545

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1550 1555 1560
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1565 1570 1575
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1580 1585 1590
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1595 1600 1605

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1610 1615 1620
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1625 1630 1635
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1640 1645 1650
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1655 1660 1665

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1670 1675 1680
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1685 1690 1695
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1700 1705 1710

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1715 1720 1725

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1730 1735 1740

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1745 1750 1755

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1760 1765 1770

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1775 1780 1785

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1790 1795 1800

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln

1805 1810 1815

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

1820 1825 1830

His His His His

1835

<210> 1458

<211> 5514

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1458

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480
catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggttctc ctgctggctc ccccacctca 3180

acagaagagg ggacaagcga aagcgctacg cctgagagtg gccctggctc tgagccagcc 3240

acctccggct ctgaaacccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 3300

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 3360

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 3420

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 3480

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 3540

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 3600

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 3660

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 3720

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 3780

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 3840

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 3900

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 3960

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 4020

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 4080

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 4140

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 4200

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 4260

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 4320

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 4380

tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 4440

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 4500

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 4560

ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc ggtacgtcct caacggggag ccctggggca 4620

tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg 4680

tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg acgggttccc cgggaacccc cggatcagga 4740

acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg 4800

cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt 4860

tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg actggatcac cgggatcgag cccgtcggca 4920

tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg 4980

tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg 5040

agcccagggt cgtccacccc aagcggggct actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca 5100

tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg 5160

agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc 5220

tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc 5280

tcaactggca caggccctgg tgcttcccct ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc 5340

agcccttccg cttcgactgg gactggaccc ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc 5400

tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc 5460

atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 5514

<210> 1459

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1459

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala

740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

755 760 765

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

1025 1030 1035

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr

1040 1045 1050

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1055 1060 1065

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1085 1090 1095

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1100 1105 1110

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1130 1135 1140

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile

1190 1195 1200

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

1205 1210 1215

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

1220 1225 1230

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

1235 1240 1245

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

1250 1255 1260

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

1265 1270 1275

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

1280 1285 1290

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

1295 1300 1305

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

1310 1315 1320

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

1325 1330 1335

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

1340 1345 1350

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

1355 1360 1365

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

1370 1375 1380

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

1385 1390 1395

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

1400 1405 1410

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

1415 1420 1425

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

1430 1435 1440

```
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1445                1450                1455
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1460                1465                1470
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile

    1475                1480                1485
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1490                1495                1500
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg
    1505                1510                1515
Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
    1520                1525                1530
Lys Thr  Met Lys Val Thr Gly  Val Thr Thr Gln Gly  Val Lys Ser

    1535                1540                1545
Leu Leu  Thr Ser Met Tyr Val  Lys Glu Phe Leu Ile  Ser Ser Ser
    1550                1555                1560
Gln Asp  Gly His Gln Trp Thr  Leu Phe Phe Gln Asn  Gly Lys Val
    1565                1570                1575
Lys Val  Phe Gln Gly Asn Gln  Asp Ser Phe Thr Pro  Val Val Asn
    1580                1585                1590
Ser Leu  Asp Pro Pro Leu Leu  Thr Arg Tyr Leu Arg  Ile His Pro

    1595                1600                1605
Gln Ser  Trp Val His Gln Ile  Ala Leu Arg Met Glu  Val Leu Gly
    1610                1615                1620
Cys Glu  Ala Gln Asp Leu Tyr  Gly Ala Pro Pro Gly  Ala Ser Pro
    1625                1630                1635
Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1640                1645                1650
Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Thr  Pro Gly Ser Gly Thr  Ala Ser Ser

    1655                1660                1665
Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly
```

1670 1675 1680

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1685 1690 1695

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1700 1705 1710

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1715 1720 1725

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1730 1735 1740

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

1745 1750 1755

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1760 1765 1770

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1775 1780 1785

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1790 1795 1800

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

1805 1810 1815

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1820 1825 1830

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1835 1840 1845

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1850 1855 1860

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1865 1870 1875

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1880 1885 1890

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1895 1900 1905

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

1925 1930 1935

Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1460

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1460

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000
ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060
gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120
gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacac ccggatcggg tacagcgtca 3180
tcgagccccg gtgcgtcacc tggtacgtcg agcacggggt cgccaggggc gtcccctggg 3240
acgtcctcaa caggctcgcc cggtgcgtca cccggcacgt cgtccacggg ttcacctggt 3300
agctcccctt ccgcgtccac tggcaccggg cctggaactc cggggagcgg cacagcgagc 3360

tcgtcgccgg gagcatcgcc tgggacatcg agcaccgggt cgccaggagc atcgcccgga 3420
acatccagca caggaagccc cggcgcgtcg cccgggacat caagcacagg ttccccggga 3480
tcgagcacgc cgtccggagc cactggatca ccagggagct cgacaccttc cggcgcaacg 3540
ggatcgcccg gagccagccc gggtacgtca agcactggct cccctgcctc gagcgctccc 3600
tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660
ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720
tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840
tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900
ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960
actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020
tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080
agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140
ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260
ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320
ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380
cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440
aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500
tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560
gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccac cgggagcgtc acccggtacg 4920

tcctcaacgg ggagccctgg ggcatcaccc ggcacgtcct cgacagggtc ccccggaaca 4980

ccgggttcgg ggactgcgtc gtcgtcaccc ggttcgtcaa cacccagcgg tgcgacgggt 5040

tccccgggaa cccccggatc aggaacagcg tcgtcgagcc ccggaagctc gaccccgtca 5100

ggagcgaccg ggtcgccagg aacgcctggg tcgggtactg cctcatcgtc gccgggttca 5160

tcgacgccct ccggagcaac aggttcaccc gggtcgtcca cccccagcgg agcgactgga 5220

tcaccgggat cgagcccgtc ggcatcgaca ggaacaggtc ccggtagctc cccatcggcc 5280

tccacgggga cggggcctgg tgcgtcaccg gggacaagca gcacgggttc gccgggaacg 5340

ccagggtcag ggaccgcgtc gtcgagccca gggtcgtcca ccccaagcgg ggctactggg 5400

tccccgggta gctcgccgag cgcatcaacg ggaaccggac cgggcagctc cccctcagcg 5460

tcgacaggga caggccctgg cgcgagcccg ggaacatcgt cgacggggtc acccggagca 5520

tcgccaggga cctcgtcaac tggctcgcct ggatcgtcaa cgccctcggg agccacgggg 5580

tcgcccggat catccccgtc cgcctcaact ggcacaggcc ctggtgcttc ccctggaacg 5640

tccagcacag gctcccccgg ttccagccct tccgcttcga ctgggactgg acccggaacc 5700

ccgggatcgg ggacagcgtc aagctcgccc ggaagctcca cgccttcggg ggcaaccggg 5760

tcagcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1461

<211> 2089

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1461

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala
740 745 750

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
755 760 765
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

770 775 780

Ala Ser Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg

785 790 795 800

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

805 810 815

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

820 825 830

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

835 840 845

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

850 855 860

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

865 870 875 880

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

885 890 895

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

900 905 910

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

915 920 925

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

930 935 940

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

945 950 955 960

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

965 970 975

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu

980 985 990

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

995 1000 1005

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

1010 1015 1020

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr
1025 1030 1035
Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr
1040 1045 1050
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1055 1060 1065

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1070 1075 1080
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1085 1090 1095
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
1100 1105 1110
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1130 1135 1140
Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1145 1150 1155
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1160 1165 1170
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1190 1195 1200
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1205 1210 1215
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1220 1225 1230
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1280 1285 1290

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1295 1300 1305

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1310 1315 1320

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr

1340 1345 1350

Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met

1355 1360 1365

Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg

1370 1375 1380

Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile

1385 1390 1395

His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr

1400 1405 1410

Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val

1415 1420 1425

Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu

1430 1435 1440

Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val

1445 1450 1455

Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His

1460 1465 1470

Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp

1475 1480 1485

Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala
1490 1495 1500
Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu
1505 1510 1515
Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln
1520 1525 1530
Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser
1535 1540 1545

Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly
1550 1555 1560
Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys
1565 1570 1575
His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu
1580 1585 1590
His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu
1595 1600 1605

Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu
1610 1615 1620
Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe
1625 1630 1635
Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His
1640 1645 1650
Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro
1655 1660 1665

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr
1670 1675 1680
Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr
1685 1690 1695
Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp
1700 1705 1710
Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn

1715 1720 1725

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu
1730 1735 1740
Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln
1745 1750 1755
Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu
1760 1765 1770
Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1775 1780 1785

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1790 1795 1800
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1805 1810 1815
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1820 1825 1830
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1835 1840 1845

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1850 1855 1860
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1865 1870 1875
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1880 1885 1890
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1895 1900 1905

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1910 1915 1920
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1925 1930 1935
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1940 1945 1950

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1955 1960 1965

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1970 1975 1980
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1985 1990 1995
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
2000 2005 2010
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2015 2020 2025

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
2030 2035 2040
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2045 2050 2055
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile
2060 2065 2070
Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His
2075 2080 2085

His

<210> 1462
<211> 6270
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1462
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggttct cctgctggct cccccacctc aacagaagag 2280

gggacaagcg aaagcgctac gcctgagagt ggccctggct ctgagccagc cacctccggc 2340

tctgaaaccc ctgcctcgag cccaccagtc ttgaaacgcc atcaagctga aataactcgt 2400

actactcttc agtcagatca agaggaaatc gattatgatg ataccatatc agttgaaatg 2460

aagaaggaag attttgacat ttatgatgag gatgaaaatc agagcccccg cagctttcaa 2520

aagaaaacac gacactattt tattgctgca gtggagaggc tctgggatta tgggatgagt 2580

agctccccac atgttctaag aaacagggct cagagtggca gtgtccctca gttcaagaaa 2640

gttgttttcc aggaatttac tgatggctcc tttactcagc ccttataccg tggagaacta 2700

aatgaacatt tgggactcct ggggccatat ataagagcag aagttgaaga taatatcatg 2760

gtaactttca gaaatcaggc ctctcgtccc tattccttct attctagcct tatttcttat 2820

gaggaagatc agaggcaagg agcagaacct agaaaaaact ttgtcaagcc taatgaaacc 2880

aaaacttact tttggaaagt gcaacatcat atggcaccca ctaaagatga gtttgactgc 2940

aaagcctggg cttatttctc tgatgttgac ctggaaaaag atgtgcactc aggcctgatt 3000

ggaccccttc tggtctgcca cactaacaca ctgaaccctg ctcatgggag acaagtgaca 3060

gtacaggaat ttgctctgtt tttcaccatc tttgatgaga ccaaaagctg gtacttcact 3120

gaaaatatgg aaagaaactg caggggcgcg ccaggtacgc ccgggtcggg aacagcgtcc 3180

tcaagcccgg gtagctcgac gccgtcagga gccacagggt cgccgggatc gtcgactcca 3240

tcaggcgcaa cgggatcgcc tggatcaagc actccatccg gagcgacggg aagcccaggg 3300

agctccccgt ccgcatcgac tgggacggga cctggagcaa gccccggtac gtcgtcaaca 3360

ggttcgcctg gtgcctcgcc tggcacgtcc agcacgggga gccccggaac gccgggttcc 3420

ggaaccgcat cctcctcacc aggtgcctca ccgggcacct catcaacggg atcaccaggg 3480

gcttcaccgg gaacgagctc gacgggttca ccgggagcgt ccccggggac ttcgtcgaca 3540

ggtagcccag gggcaagccc cggtacatcg tcaacgggtt ccccagggac accggggagc 3600

ggtactgcat cgtcctcacc cggttcctcg acacccagcg gagccacggg ttcgcccggt 3660

actccggggt ccggaacggc cagcagctca cccggttcct cgacgccatc aggtgccacg 3720

ggctcgcctg gaacgccagg ctcgggcact gcgagcagca gccctggatc atcaacgcct 3780

agcggagcga ccggctcccc tggatcgtca actccctcgg gcgcgactgg gagcccagga 3840

agctcaccgt cggcctcgac gggaacaggg cctggttcga gcccctcagc ttcaacagga 3900

acaggtccag gcgcgtcgcc aggtacatca tcgacgggtt cgcctgggac ccctgggtcc 3960

ggtactgcct catcatcgcc cggatcgtcc acccccctcgg gagcgacagg ttcgcctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt cacccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgcgcc accgggagcg 5340

tcacccggta cgtcctcaac ggggagccct ggggcatcac ccggcacgtc ctcgacaggg 5400

tcccccggaa caccgggttc ggggactgcg tcgtcgtcac ccggttcgtc aacacccagc 5460

ggtgcgacgg gttccccggg aacccccgga tcaggaacag cgtcgtcgag ccccggaagc 5520

tcgaccccgt caggagcgac cgggtcgcca ggaacgcctg ggtcgggtac tgcctcatcg 5580

tcgccgggtt catcgacgcc ctccggagca acaggttcac ccgggtcgtc cacccccagc 5640

ggagcgactg gatcaccggg atcgagcccg tcggcatcga caggaacagg tcccggtagc 5700

tccccatcgg cctccacggg gacggggcct ggtgcgtcac cggggacaag cagcacgggt 5760

tcgccgggaa cgccagggtc agggaccgcg tcgtcgagcc cagggtcgtc caccccaagc 5820
ggggctactg ggtccccggg tagctcgccg agcgcatcaa cgggaaccgg accgggcagc 5880
tccccctcag cgtcgacagg gacaggccct ggcgcgagcc cgggaacatc gtcgacgggg 5940
tcacccggag catcgccagg gacctcgtca actggctcgc ctggatcgtc aacgccctcg 6000
ggagccacgg ggtcgcccgg atcatccccg tccgcctcaa ctggcacagg ccctggtgct 6060
tcccctggaa cgtccagcac aggctccccc ggttccagcc cttccgcttc gactgggact 6120
ggacccggaa ccccgggatc ggggacagcg tcaagctcgc ccggaagctc cacgccttcg 6180

ggggcaaccg ggtcagcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 6240
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 6270

<210> 1463

<211> 1945

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1463

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly
740 745 750
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
805 810 815
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
865 870 875 880
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
930 935 940
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
945 950 955 960
Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn
965 970 975
Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu
995 1000 1005
Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val
1010 1015 1020
Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro
1025 1030 1035
Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg
1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
1055 1060 1065
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys
1070 1075 1080
Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp
1085 1090 1095

```
Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile Gly Pro  Leu Leu Val
    1100                1105                1110

Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His Gly Arg  Gln Val Thr
    1115                1120                1125
Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile Phe Asp  Glu Thr Lys
    1130                1135                1140
Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Gly Ala
    1145                1150                1155
Pro Gly  Ser Pro Ala Gly Ser  Pro Thr Ser Thr Glu  Glu Gly Thr
    1160                1165                1170

Ser Glu  Ser Ala Thr Pro Glu  Ser Gly Pro Gly Ser  Glu Pro Ala
    1175                1180                1185
Thr Ser  Gly Ser Glu Thr Pro  Ala Ser Ser Ala Pro  Cys Asn Ile
    1190                1195                1200
Gln Met  Glu Asp Pro Thr Phe  Lys Glu Asn Tyr Arg  Phe His Ala
    1205                1210                1215
Ile Asn  Gly Tyr Ile Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala
    1220                1225                1230

Gln Asp  Gln Arg Ile Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn
    1235                1240                1245
Glu Asn  Ile His Ser Ile His  Phe Ser Gly His Val  Phe Thr Val
    1250                1255                1260
Arg Lys  Lys Glu Glu Tyr Lys  Met Ala Leu Tyr Asn  Leu Tyr Pro
    1265                1270                1275
Gly Val  Phe Glu Thr Val Glu  Met Leu Pro Ser Lys  Ala Gly Ile
    1280                1285                1290

Trp Arg  Val Glu Cys Leu Ile  Gly Glu His Leu His  Ala Gly Met
    1295                1300                1305
Ser Thr  Leu Phe Leu Val Tyr  Ser Asn Lys Cys Gln  Thr Pro Leu
    1310                1315                1320
Gly Met  Ala Ser Gly His Ile  Arg Asp Phe Gln Ile  Thr Ala Ser
```

```
    1325                1330                1335
Gly Gln  Tyr Gly Gln Trp Ala  Pro Lys Leu Ala Arg  Leu His Tyr
    1340                1345                1350

Ser Gly  Ser Ile Asn Ala Trp  Ser Thr Lys Glu Pro  Phe Ser Trp
    1355                1360                1365
Ile Lys  Val Asp Leu Leu Ala  Pro Met Ile Ile His  Gly Ile Lys
    1370                1375                1380
Thr Gln  Gly Ala Arg Gln Lys  Phe Ser Ser Leu Tyr  Ile Ser Gln
    1385                1390                1395
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    1400                1405                1410

Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    1415                1420                1425
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    1430                1435                1440
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    1445                1450                1455
Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    1460                1465                1470

Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    1475                1480                1485
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    1490                1495                1500
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg
    1505                1510                1515
Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
    1520                1525                1530

Lys Thr  Met Lys Val Thr Gly  Val Thr Thr Gln Gly  Val Lys Ser
    1535                1540                1545
Leu Leu  Thr Ser Met Tyr Val  Lys Glu Phe Leu Ile  Ser Ser Ser
    1550                1555                1560
```

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val
1565 1570 1575
Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn
1580 1585 1590

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro
1595 1600 1605
Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly
1610 1615 1620
Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro
1625 1630 1635
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1640 1645 1650

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1655 1660 1665
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1670 1675 1680
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1685 1690 1695
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1700 1705 1710

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1715 1720 1725
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1730 1735 1740
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1745 1750 1755
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1760 1765 1770

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1775 1780 1785
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1790 1795 1800

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

1805 1810 1815

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1820 1825 1830

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1835 1840 1845

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1850 1855 1860

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1865 1870 1875

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1880 1885 1890

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1895 1900 1905

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1910 1915 1920

Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr

1925 1930 1935

Gly His His His His His His

1940 1945

<210> 1464

<211> 5838

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1464

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

tctcctgctg gctcccccac ctcaacagaa gaggggacaa gcgaaagcgc tacgcctgag 3540

agtggccctg gctctgagcc agccacctcc ggctctgaaa cccctgcctc gagcgctccc 3600

tgcaatatcc agatggaaga tcccactttt aaagagaatt atcgcttcca tgcaatcaat 3660

ggctacataa tggatacact acctggctta gtaatggctc aggatcaaag gattcgatgg 3720

tatctgctca gcatgggcag caatgaaaac atccattcta ttcatttcag tggacatgtg 3780

ttcactgtac gaaaaaaaga ggagtataaa atggcactgt acaatctcta tccaggtgtt 3840

tttgagacag tggaaatgtt accatccaaa gctggaattt ggcgggtgga atgccttatt 3900

ggcgagcatc tacatgctgg gatgagcaca ctttttctgg tgtacagcaa taagtgtcag 3960

actcccctgg gaatggcttc tggacacatt agagattttc agattacagc ttcaggacaa 4020

tatggacagt gggccccaaa gctggccaga cttcattatt ccggatcaat caatgcctgg 4080

agcaccaagg agccctttc ttggatcaag gtggatctgt tggcaccaat gattattcac 4140

ggcatcaaga cccagggtgc ccgtcagaag ttctccagcc tctacatctc tcagtttatc 4200

atcatgtata gtcttgatgg gaagaagtgg cagacttatc gaggaaattc cactggaacc 4260

ttaatggtct tctttggcaa tgtggattca tctgggataa aacacaatat ttttaaccct 4320

ccaattattg ctcgatacat ccgtttgcac ccaactcatt atagcattcg cagcactctt 4380

cgcatggagt tgatgggctg tgatttaaat agttgcagca tgccattggg aatggagagt 4440

aaagcaatat cagatgcaca gattactgct tcatcctact ttaccaatat gtttgccacc 4500

tggtctcctt caaaagctcg acttcacctc caagggagga gtaatgcctg gagacctcag 4560

gtgaataatc caaaagagtg gctgcaagtg gacttccaga agacaatgaa agtcacagga 4620

gtaactactc agggagtaaa atctctgctt accagcatgt atgtgaagga gttcctcatc 4680

tccagcagtc aagatggcca tcagtggact ctctttttc agaatggcaa agtaaaggtt 4740

tttcagggaa atcaagactc cttcacacct gtggtgaact ctctagaccc accgttactg 4800

actcgctacc ttcgaattca cccccagagt tgggtgcacc agattgccct gaggatggag 4860

gttctgggct gcgaggcaca ggacctctac ggcgcgccac cgggagcgtc acccggtacg 4920

tcctcaacgg ggagccctgg ggcatcaccc ggcacgtcct cgacagggtc ccccggaaca 4980

ccgggttcgg ggactgcgtc gtcgtcaccc ggttcgtcaa cacccagcgg tgcgacgggt 5040

tccccgggaa ccccccggatc aggaacagcg tcgtcgagcc ccggaagctc gaccccgtca 5100

ggagcgaccg ggtcgccagg aacgcctggg tcgggtactg cctcatcgtc gccgggttca 5160

tcgacgccct ccggagcaac aggttcaccc gggtcgtcca cccccagcgg agcgactgga 5220

tcaccgggat cgagcccgtc ggcatcgaca ggaacaggtc ccggtagctc cccatcggcc 5280

tccacgggga cggggcctgg tgcgtcaccg gggacaagca gcacgggttc gccgggaacg 5340

ccagggtcag ggaccgcgtc gtcgagccca gggtcgtcca ccccaagcgg ggctactggg 5400

tccccgggta gctcgccgag cgcatcaacg ggaaccggac cgggcagctc cccctcagcg 5460

tcgacaggga caggccctgg cgcgagcccg ggaacatcgt cgacggggtc acccggagca 5520

tcgccaggga cctcgtcaac tggctcgcct ggatcgtcaa cgccctcggg agccacgggg 5580

tcgcccggat catccccgtc cgcctcaact ggcacaggcc ctggtgcttc ccctggaacg 5640

tccagcacag gctcccccgg ttccagccct tccgcttcga ctgggactgg acccggaacc 5700

ccgggatcgg ggacagcgtc aagctcgccc ggaagctcca cgccttcggg ggcaaccggg 5760

tcagcctcga gcgaacaaaa actcatctca gaagaggatc tgtcacctgc aaccggtcat 5820

catcaccatc accattga 5838

<210> 1465

<211> 2053

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1465

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
755 760 765
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
770 775 780
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
785 790 795 800
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
820 825 830
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
835 840 845
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
850 855 860
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1160 1165 1170

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro

1295 1300 1305

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1310 1315 1320

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1325 1330 1335

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1340 1345 1350

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1355 1360 1365

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1370 1375 1380

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1385 1390 1395

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1400 1405 1410

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1415 1420 1425

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1430 1435 1440

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1445 1450 1455

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1460 1465 1470

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1475 1480 1485

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1490 1495 1500

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1505 1510 1515

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1520 1525 1530

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1535 1540 1545

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1550 1555 1560

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1565 1570 1575

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1580 1585 1590

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1595 1600 1605

```
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1610                 1615                 1620
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1625                 1630                 1635
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1640                 1645                 1650
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile

    1655                 1660                 1665
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1670                 1675                 1680
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1685                 1690                 1695
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1700                 1705                 1710
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu

    1715                 1720                 1725
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Pro Gly
    1730                 1735                 1740
Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro
    1745                 1750                 1755
Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Thr Pro Gly  Ser Gly Thr
    1760                 1765                 1770
Ala Ser  Ser Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly

    1775                 1780                 1785
Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    1790                 1795                 1800
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Thr Pro Gly
    1805                 1810                 1815
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    1820                 1825                 1830
Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
```

1835 1840 1845

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1850 1855 1860

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1865 1870 1875

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1880 1885 1890

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1910 1915 1920

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1925 1930 1935

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1940 1945 1950

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1955 1960 1965

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1970 1975 1980

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1985 1990 1995

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

2000 2005 2010

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

2015 2020 2025

Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Thr Gly His His His His His His

2045 2050

<210> 1466

<211> 6162

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1466

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480
acacccggat cgggtacagc gtcatcgagc cccggtgcgt cacctggtac gtcgagcacg 3540
gggtcgccag gggcgtcccc tgggacgtcc tcaacaggct cgcccggtgc gtcacccggc 3600
acgtcgtcca cgggttcacc tggtagctcc ccttccgcgt ccactggcac cgggcctgga 3660
actccgggga gcggcacagc gagctcgtcg ccgggagcat cgcctgggac atcgagcacc 3720
gggtcgccag gagcatcgcc cggaacatcc agcacaggaa gccccggcgc gtcgcccggg 3780
acatcaagca caggttcccc gggatcgagc acgccgtccg gagccactgg atcaccaggg 3840

agctcgacac cttccggcgc aacgggatcg cccggagcca gcccgggtac gtcaagcact 3900
ggctcccctg cctcgagcgc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3960
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 4020
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 4080
tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 4140
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 4200
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 4260

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 4320
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 4380
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 4440
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 4500
agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 4560
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 4620
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 4680

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 4740
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 4800
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 4860
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4920
cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4980
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 5040
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 5100

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 5160

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 5220

ccaccgggag cgtcacccgg tacgtcctca acggggagcc ctggggcatc acccggcacg 5280

tcctcgacag ggtcccccgg aacaccgggt tcggggactg cgtcgtcgtc acccggttcg 5340

tcaacaccca gcggtgcgac gggttccccg ggaacccccg gatcaggaac agcgtcgtcg 5400

agccccggaa gctcgacccc gtcaggagcg accgggtcgc caggaacgcc tgggtcgggt 5460

actgcctcat cgtcgccggg ttcatcgacg ccctccggag caacaggttc acccgggtcg 5520

tccaccccca gcggagcgac tggatcaccg ggatcgagcc cgtcggcatc gacaggaaca 5580

ggtcccggta gctccccatc ggcctccacg gggacggggc ctggtgcgtc accggggaca 5640

agcagcacgg gttcgccggg aacgccaggg tcagggaccg cgtcgtcgag cccagggtcg 5700

tccaccccaa gcggggctac tgggtccccg ggtagctcgc cgagcgcatc aacgggaacc 5760

ggaccgggca gctccccctc agcgtcgaca gggacaggcc ctggcgcgag cccgggaaca 5820

tcgtcgacgg ggtcacccgg agcatcgcca gggacctcgt caactggctc gcctggatcg 5880

tcaacgccct cgggagccac ggggtcgccc ggatcatccc cgtccgcctc aactggcaca 5940

ggccctggtg cttcccctgg aacgtccagc acaggctccc ccggttccag cccttccgct 6000

tcgactggga ctggacccgg aaccccggga tcggggacag cgtcaagctc gcccggaagc 6060

tccacgcctt cgggggcaac cgggtcagcc tcgagcgaac aaaaactcat ctcagaagag 6120

gatctgtcac ctgcaaccgg tcatcatcac catcaccatt ga 6162

<210> 1467

<211> 2197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1467

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly

740 745 750

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

785 790 795 800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

865 870 875 880

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Pro

885 890 895

Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln

900 905 910

Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

915 920 925

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

930 935 940

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu

945 950 955 960

Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn

965 970 975

Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

980 985 990

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

995 1000 1005

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1010 1015 1020

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1025 1030 1035

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1040 1045 1050

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1055 1060 1065

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1070 1075 1080

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1085 1090 1095

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1100 1105 1110

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1115 1120 1125

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1130 1135 1140

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1175 1180 1185

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1205 1210 1215

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1280 1285 1290

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1340 1345 1350

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1355 1360 1365

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1385 1390 1395

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala

1400 1405 1410

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1415 1420 1425

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1505 1510 1515

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1520 1525 1530

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1535 1540 1545

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1550 1555 1560

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1565 1570 1575

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1580 1585 1590

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1595 1600 1605

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1610 1615 1620

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1625 1630 1635

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1640 1645 1650

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1655 1660 1665

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1670 1675 1680

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1685 1690 1695

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1700 1705 1710

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1715 1720 1725

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1745 1750 1755

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1880 1885 1890

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1910 1915 1920

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1925 1930 1935

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1940 1945 1950

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1955 1960 1965

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1970 1975 1980

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1985 1990 1995

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

2000 2005 2010

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2030 2035 2040

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

2045 2050 2055

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

2060 2065 2070

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2075 2080 2085

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

2090 2095 2100

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

2105 2110 2115

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2120 2125 2130

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

2135 2140 2145

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2150 2155 2160

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln

2165 2170 2175

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2180 2185 2190

His His His His

2195

<210> 1468

<211> 6594

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1468

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaggtaca ccgggcagcg gcacggcttc gtcgtcaccc 2280

ggctcgtcca caccgtcggg agctacggga agcccaggag cgtcaccggg aacgtcgtca 2340

acggggtcac cgggtacgcc aggtagcggc acggccagca gctcgccagg ttcatcgacc 2400

ccgtcgggag cgactgggtc gcccggatca agcccgtcag cttccactgg aacaggaccc 2460

gggtcgtcgc cgtcagcctc aacggggaca ggacctggtt catcgacgcc gtcaggggcg 2520

acaggctcgc ccggatcgtc aacaccctcg ggggcaacgg ggagccctgg tgcgtcgcct 2580

ggaacctcat ccaccggaag cccgggggcc tcgccgggta cgagctccac gggatcgccc 2640

ggagcgtccc ccggaacttc aagcacaggg agccctgcct cgagcccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaag ctgaaataac tcgtactact cttcagtcag atcaagagga aatcgattat 2760

gatgatacca tatcagttga aatgaagaag gaagattttg acatttatga tgaggatgaa 2820

aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa acacgacact attttattgc tgcagtggag 2880

aggctctggg attatgggat gagtagctcc ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt 2940

ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact 3000

cagcccttat accgtggaga actaaatgaa catttgggac tcctggggcc atatataaga 3060

gcagaagttg aagataatat catggtaact ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc 3120

ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa 3180

aactttgtca agcctaatga aaccaaaact tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca 3240

cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa 3300

aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc cttctggtct gccacactaa cacactgaac 3360

cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag gaatttgctc tgtttttcac catctttgat 3420

gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat atggaaagaa actgcagggg cgcgccaggt 3480

acgcccgggt cgggaacagc gtcctcaagc ccgggtagct cgacgccgtc aggagccaca 3540

gggtcgccgg gatcgtcgac tccatcaggc gcaacgggat cgcctggatc aagcactcca 3600

tccggagcga cgggaagccc agggagctcc ccgtccgcat cgactgggac gggacctgga 3660

gcaagccccg gtacgtcgtc aacaggttcg cctggtgcct cgcctggcac gtccagcacg 3720

gggagccccg gaacgccggg ttccggaacc gcatcctcct caccaggtgc ctcaccgggc 3780

acctcatcaa cgggatcacc aggggcttca ccgggaacga gctcgacggg ttcaccggga 3840

gcgtccccgg ggacttcgtc gacaggtagc ccaggggcaa gccccggtac atcgtcaacg 3900

ggttccccag ggacaccggg gagcggtact gcatcgtcct cacccggttc ctcgacaccc 3960

agcggagcca cgggttcgcc cggtactccg gggtccggaa cggccagcag ctcacccggt 4020

tcctcgacgc catcaggtgc cacgggctcg cctggaacgc caggctcggg cactgcgagc 4080

agcagccctg gatcatcaac gcctagcgga gcgaccggct cccctggatc gtcaactccc 4140

tcgggcgcga ctgggagccc aggaagctca ccgtcggcct cgacgggaac agggcctggt 4200

tcgagcccct cagcttcaac aggaacaggt ccaggcgcgt cgccaggtac atcatcgacg 4260

ggttcgcctg ggacccctgg gtccggtact gcctcatcat cgcccggatc gtccaccccc 4320

tcgggagcga caggttcgcc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220
actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280
cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340
caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400
ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460
tggactctct tttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520
acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640
ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc ggtacgtcct caacggggag ccctggggca 5700
tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg 5760
tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg acgggttccc cgggaacccc cggatcagga 5820
acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg 5880
cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt 5940
tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg actggatcac cgggatcgag cccgtcggca 6000

tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg 6060
tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg 6120
agcccagggt cgtccacccc aagcggggct actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca 6180
tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg 6240
agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc 6300
tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc 6360
tcaactggca caggccctgg tgcttcccct ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc 6420

agcccttccg cttcgactgg gactggaccc ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc 6480
tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc 6540
atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6594

<210> 1469

<211> 2089

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1469

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
1220 1225 1230
Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1295 1300 1305
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1310 1315 1320
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1325 1330 1335

Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr
1340 1345 1350
Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met
1355 1360 1365
Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg
1370 1375 1380
Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile
1385 1390 1395

His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr
1400 1405 1410
Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val
1415 1420 1425
Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu
1430 1435 1440
Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val

1445 1450 1455

Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His
1460 1465 1470
Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp
1475 1480 1485
Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala
1490 1495 1500
Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu
1505 1510 1515

Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln
1520 1525 1530
Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser
1535 1540 1545
Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly
1550 1555 1560
Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys
1565 1570 1575

His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu
1580 1585 1590
His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu
1595 1600 1605
Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu
1610 1615 1620
Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe
1625 1630 1635

Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His
1640 1645 1650
Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro
1655 1660 1665
Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr
1670 1675 1680

Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr
1685 1690 1695

Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp
1700 1705 1710
Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn
1715 1720 1725
Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu
1730 1735 1740
Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln
1745 1750 1755

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu
1760 1765 1770
Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1775 1780 1785
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1790 1795 1800
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1805 1810 1815

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1820 1825 1830
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1835 1840 1845
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1850 1855 1860
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1865 1870 1875

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1880 1885 1890
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1895 1900 1905
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1910 1915 1920

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1925 1930 1935

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1940 1945 1950

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1955 1960 1965

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1970 1975 1980

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1985 1990 1995

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

2000 2005 2010

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

2030 2035 2040

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

2045 2050 2055

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile

2060 2065 2070

Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His

2075 2080 2085

His

<210> 1470

<211> 6270

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1470

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120
aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180
atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240
tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300
gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360
agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420
ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540
gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600
gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020
gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440
actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280

cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340

gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460

ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580

ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640

cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700

gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760

ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccc cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880

tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000

cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060

gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120

ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180

gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300

gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gttctcctgc tggctccccc acctcaacag aagaggggac aagcgaaagc 3960

gctacgcctg agagtggccc tggctctgag ccagccacct ccggctctga aacccctgcc 4020

tcgagcgctc cctgcaatat ccagatggaa gatcccactt ttaaagagaa ttatcgcttc 4080

catgcaatca atggctacat aatggataca ctacctggct tagtaatggc tcaggatcaa 4140

aggattcgat ggtatctgct cagcatgggc agcaatgaaa acatccattc tattcatttc 4200

agtggacatg tgttcactgt acgaaaaaaa gaggagtata aaatggcact gtacaatctc 4260

tatccaggtg tttttgagac agtggaaatg ttaccatcca aagctggaat ttggcgggtg 4320

gaatgcctta ttggcgagca tctacatgct gggatgagca cacttttct ggtgtacagc 4380

aataagtgtc agactcccct gggaatggct tctggacaca ttagagattt tcagattaca 4440

gcttcaggac aatatggaca gtgggcccca aagctggcca gacttcatta ttccggatca 4500

atcaatgcct ggagcaccaa ggagcccttt tcttggatca aggtggatct gttggcacca 4560

atgattattc acggcatcaa gacccagggt gcccgtcaga agttctccag cctctacatc 4620

tctcagttta tcatcatgta tagtcttgat gggaagaagt ggcagactta tcgaggaaat 4680

tccactggaa ccttaatggt cttctttggc aatgtggatt catctgggat aaaacacaat 4740

atttttaacc ctccaattat tgctcgatac atccgtttgc acccaactca ttatagcatt 4800

cgcagcactc ttcgcatgga gttgatgggc tgtgatttaa atagttgcag catgccattg 4860

ggaatggaga gtaaagcaat atcagatgca cagattactg cttcatccta ctttaccaat 4920

atgtttgcca cctggtctcc ttcaaaagct cgacttcacc tccaagggag gagtaatgcc 4980

tggagacctc aggtgaataa tccaaaagag tggctgcaag tggacttcca gaagacaatg 5040

aaagtcacag gagtaactac tcagggagta aaatctctgc ttaccagcat gtatgtgaag 5100

gagttcctca tctccagcag tcaagatggc catcagtgga ctctcttttt tcagaatggc 5160

aaagtaaagg tttttcaggg aaatcaagac tccttcacac ctgtggtgaa ctctctagac 5220

ccaccgttac tgactcgcta ccttcgaatt caccccccaga gttgggtgca ccagattgcc 5280

ctgaggatgg aggttctggg ctgcgaggca caggacctct acggcgcgcc accgggagcg 5340

tcacccggta cgtcctcaac ggggagccct ggggcatcac ccggcacgtc ctcgacaggg 5400

tcccccggaa caccgggttc ggggactgcg tcgtcgtcac ccggttcgtc aacacccagc 5460

ggtgcgacgg gttccccggg aacccccgga tcaggaacag cgtcgtcgag ccccggaagc 5520

tcgaccccgt caggagcgac cgggtcgcca ggaacgcctg ggtcgggtac tgcctcatcg 5580
tcgccgggtt catcgacgcc ctccggagca acaggttcac ccgggtcgtc cacccccagc 5640
ggagcgactg gatcaccggg atcgagcccg tcggcatcga caggaacagg tcccggtagc 5700
tccccatcgg cctccacggg gacggggcct ggtgcgtcac cggggacaag cagcacgggt 5760
tcgccgggaa cgccagggtc agggaccgcg tcgtcgagcc cagggtcgtc caccccaagc 5820
ggggctactg ggtccccggg tagctcgccg agcgcatcaa cgggaaccgg accgggcagc 5880
tccccctcag cgtcgacagg gacaggccct ggcgcgagcc cgggaacatc gtcgacgggg 5940

tcacccggag catcgccagg gacctcgtca actggctcgc ctggatcgtc aacgccctcg 6000
ggagccacgg ggtcgcccgg atcatccccg tccgcctcaa ctggcacagg ccctggtgct 6060
tcccctggaa cgtccagcac aggctccccc ggttccagcc cttccgcttc gactgggact 6120
ggacccggaa ccccgggatc ggggacagcg tcaagctcgc ccggaagctc cacgccttcg 6180
ggggcaaccg ggtcagcctc gagcgaacaa aaactcatct cagaagagga tctgtcacct 6240
gcaaccggtc atcatcacca tcaccattga 6270

<210> 1471

<211> 2197

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1471

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

755 760 765
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

835 840 845

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

850 855 860

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

865 870 875 880

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

900 905 910

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

915 920 925

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

930 935 940

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

965 970 975

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

980 985 990

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1235 1240 1245

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1265 1270 1275

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1280 1285 1290

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1295 1300 1305

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1340 1345 1350

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1355 1360 1365

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1385 1390 1395

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1400 1405 1410

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1415 1420 1425

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1445 1450 1455

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1460 1465 1470

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1475 1480 1485

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1490 1495 1500

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1505 1510 1515

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1520 1525 1530

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
1535 1540 1545
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1550 1555 1560
Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
1565 1570 1575
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
1580 1585 1590
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
1595 1600 1605
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1610 1615 1620
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
1625 1630 1635
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
1640 1645 1650
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
1655 1660 1665
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1670 1675 1680
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
1685 1690 1695
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
1700 1705 1710
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
1715 1720 1725
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1730 1735 1740
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
1745 1750 1755
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1760 1765 1770

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1775 1780 1785

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1790 1795 1800

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1805 1810 1815

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1820 1825 1830

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1835 1840 1845

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1850 1855 1860

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1865 1870 1875

Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1880 1885 1890

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1895 1900 1905

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1910 1915 1920

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1925 1930 1935

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1940 1945 1950

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1955 1960 1965

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1970 1975 1980

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1985 1990 1995

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

2000 2005 2010

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2015 2020 2025

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2030 2035 2040

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

2045 2050 2055

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

2060 2065 2070

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2075 2080 2085

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

2090 2095 2100

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

2105 2110 2115

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2120 2125 2130

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

2135 2140 2145

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2150 2155 2160

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln

2165 2170 2175

Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His

2180 2185 2190

His His His His

2195

<210> 1472

<211> 6594

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1472

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860
gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280
cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400
ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520

gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580
ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700
gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccctc cagcgtcgac agggacaggc 2820
cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940

ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240
gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360

agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420

ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480

ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540

cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600

gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacacccgg atcgggtaca gcgtcatcga gccccggtgc gtcacctggt 3960

acgtcgagca cggggtcgcc aggggcgtcc cctgggacgt cctcaacagg ctcgcccggt 4020

gcgtcacccg gcacgtcgtc cacgggttca cctggtagct ccccttccgc gtccactggc 4080

accgggcctg gaactccggg gagcggcaca gcgagctcgt cgccgggagc atcgcctggg 4140

acatcgagca ccgggtcgcc aggagcatcg cccggaacat ccagcacagg aagccccggc 4200

gcgtcgcccg ggacatcaag cacaggttcc ccgggatcga gcacgccgtc cggagccact 4260

ggatcaccag ggagctcgac accttccggc gcaacgggat cgcccggagc cagcccgggt 4320

acgtcaagca ctggctcccc tgcctcgagc gctccctgca atatccagat ggaagatccc 4380

acttttaaag agaattatcg cttccatgca atcaatggct acataatgga tacactacct 4440

ggcttagtaa tggctcagga tcaaaggatt cgatggtatc tgctcagcat gggcagcaat 4500

gaaaacatcc attctattca tttcagtgga catgtgttca ctgtacgaaa aaaagaggag 4560

tataaaatgg cactgtacaa tctctatcca ggtgtttttg agacagtgga aatgttacca 4620

tccaaagctg gaatttggcg ggtggaatgc cttattggcg agcatctaca tgctgggatg 4680

agcacacttt ttctggtgta cagcaataag tgtcagactc ccctgggaat ggcttctgga 4740

cacattagag attttcagat tacagcttca ggacaatatg gacagtgggc cccaaagctg 4800

gccagacttc attattccgg atcaatcaat gcctggagca ccaaggagcc cttttcttgg 4860

atcaaggtgg atctgttggc accaatgatt attcacggca tcaagaccca gggtgcccgt 4920

cagaagttct ccagcctcta catctctcag tttatcatca tgtatagtct tgatgggaag 4980

aagtggcaga cttatcgagg aaattccact ggaaccttaa tggtcttctt tggcaatgtg 5040

gattcatctg ggataaaaca caatattttt aaccctccaa ttattgctcg atacatccgt 5100

ttgcacccaa ctcattatag cattcgcagc actcttcgca tggagttgat gggctgtgat 5160

ttaaatagtt gcagcatgcc attgggaatg gagagtaaag caatatcaga tgcacagatt 5220

actgcttcat cctactttac caatatgttt gccacctggt ctccttcaaa agctcgactt 5280

cacctccaag ggaggagtaa tgcctggaga cctcaggtga ataatccaaa agagtggctg 5340

caagtggact tccagaagac aatgaaagtc acaggagtaa ctactcaggg agtaaaatct 5400

ctgcttacca gcatgtatgt gaaggagttc ctcatctcca gcagtcaaga tggccatcag 5460

tggactctct ttttttcagaa tggcaaagta aaggtttttc agggaaatca agactccttc 5520

acacctgtgg tgaactctct agacccaccg ttactgactc gctaccttcg aattcacccc 5580

cagagttggg tgcaccagat tgccctgagg atggaggttc tgggctgcga ggcacaggac 5640

ctctacggcg cgccaccggg agcgtcaccc ggtacgtcct caacggggag ccctggggca 5700

tcacccggca cgtcctcgac agggtccccc ggaacaccgg gttcggggac tgcgtcgtcg 5760

tcacccggtt cgtcaacacc cagcggtgcg acgggttccc cgggaacccc cggatcagga 5820

acagcgtcgt cgagccccgg aagctcgacc ccgtcaggag cgaccgggtc gccaggaacg 5880

cctgggtcgg gtactgcctc atcgtcgccg ggttcatcga cgccctccgg agcaacaggt 5940

tcacccgggt cgtccacccc cagcggagcg actggatcac cgggatcgag cccgtcggca 6000

tcgacaggaa caggtcccgg tagctcccca tcggcctcca cggggacggg gcctggtgcg 6060

tcaccgggga caagcagcac gggttcgccg ggaacgccag ggtcagggac cgcgtcgtcg 6120

agcccagggt cgtccacccc aagcggggct actgggtccc cgggtagctc gccgagcgca 6180

tcaacgggaa ccggaccggg cagctccccc tcagcgtcga cagggacagg ccctggcgcg 6240

agcccgggaa catcgtcgac ggggtcaccc ggagcatcgc cagggacctc gtcaactggc 6300

tcgcctggat cgtcaacgcc ctcgggagcc acggggtcgc ccggatcatc cccgtccgcc 6360

tcaactggca caggccctgg tgcttcccct ggaacgtcca gcacaggctc ccccggttcc 6420

agcccttccg cttcgactgg gactggaccc ggaaccccgg gatcggggac agcgtcaagc 6480

tcgcccggaa gctccacgcc ttcgggggca accgggtcag cctcgagcga acaaaaactc 6540

atctcagaag aggatctgtc acctgcaacc ggtcatcatc accatcacca ttga 6594

<210> 1473

<211> 2341

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1473

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ala Pro Pro Gly Ala Ser
740 745 750

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
755 760 765

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
770 775 780
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
785 790 795 800
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
805 810 815
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
820 825 830

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
835 840 845
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
850 855 860
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
865 870 875 880
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
885 890 895

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
900 905 910
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
915 920 925
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
930 935 940
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
945 950 955 960

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
965 970 975
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
980 985 990
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

995 1000 1005

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1010 1015 1020

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Ala Ser

1025 1030 1035

Ser Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr

1040 1045 1050

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1055 1060 1065

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1070 1075 1080

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1085 1090 1095

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1100 1105 1110

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1115 1120 1125

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1130 1135 1140

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1145 1150 1155

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1160 1165 1170

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1175 1180 1185

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1190 1195 1200

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1205 1210 1215

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1220 1225 1230

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
1235 1240 1245
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
1250 1255 1260

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
1265 1270 1275
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu
1280 1285 1290
Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser
1295 1300 1305
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1310 1315 1320

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1325 1330 1335
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1340 1345 1350
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1355 1360 1365
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1370 1375 1380

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1385 1390 1395
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1400 1405 1410
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1415 1420 1425
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1430 1435 1440

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1445 1450 1455
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1460 1465 1470

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1475 1480 1485

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1490 1495 1500

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1505 1510 1515

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1520 1525 1530

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1535 1540 1545

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1550 1555 1560

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1565 1570 1575

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Ala Ser

1580 1585 1590

Ser Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1595 1600 1605

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1610 1615 1620

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1625 1630 1635

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1640 1645 1650

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1655 1660 1665

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1670 1675 1680

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1685 1690 1695

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn
1700 1705 1710
Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp
1715 1720 1725
Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys
1730 1735 1740

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr
1745 1750 1755
Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met
1760 1765 1770
Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser
1775 1780 1785
Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly
1790 1795 1800

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met
1805 1810 1815
Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile
1820 1825 1830
Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr
1835 1840 1845
His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys
1850 1855 1860

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala
1865 1870 1875
Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1880 1885 1890
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1895 1900 1905
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1910 1915 1920

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1925 1930 1935

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1940 1945 1950

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1955 1960 1965

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1970 1975 1980

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1985 1990 1995

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

2000 2005 2010

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala

2015 2020 2025

Pro Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

2030 2035 2040

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

2045 2050 2055

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

2060 2065 2070

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2075 2080 2085

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2090 2095 2100

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

2105 2110 2115

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

2120 2125 2130

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

2135 2140 2145

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

2150 2155 2160

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
2165 2170 2175
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
2180 2185 2190
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
2195 2200 2205
Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
2210 2215 2220

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
2225 2230 2235
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
2240 2245 2250
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
2255 2260 2265
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2270 2275 2280

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
2285 2290 2295
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
2300 2305 2310
Ala Thr Gly Ser Ala Ser Ser Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu
2315 2320 2325
Asp Leu Ser Pro Ala Thr Gly His His His His His His
2330 2335 2340

<210>
1474
<211> 7026
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1474
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccтttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacggcgc gccaccggga gcgtcacccg gtacgtcctc aacggggagc 2280
cctggggcat cacccggcac gtcctcgaca gggtcccccg gaacaccggg ttcggggact 2340
gcgtcgtcgt cacccggttc gtcaacaccc agcggtgcga cgggttcccc gggaaccccc 2400

ggatcaggaa cagcgtcgtc gagccccgga agctcgaccc cgtcaggagc gaccgggtcg 2460
ccaggaacgc ctgggtcggg tactgcctca tcgtcgccgg gttcatcgac gccctccgga 2520
gcaacaggtt cacccgggtc gtccaccccc agcggagcga ctggatcacc gggatcgagc 2580
ccgtcggcat cgacaggaac aggtcccggt agctccccat cggcctccac ggggacgggg 2640
cctggtgcgt caccggggac aagcagcacg ggttcgccgg gaacgccagg gtcagggacc 2700
gcgtcgtcga gcccagggtc gtccacccca agcggggcta ctgggtcccc gggtagctcg 2760
ccgagcgcat caacgggaac cggaccgggc agctcccccт cagcgtcgac agggacaggc 2820

cctggcgcga gcccgggaac atcgtcgacg gggtcacccg gagcatcgcc agggacctcg 2880
tcaactggct cgcctggatc gtcaacgccc tcgggagcca cggggtcgcc cggatcatcc 2940
ccgtccgcct caactggcac aggccctggt gcttcccctg gaacgtccag cacaggctcc 3000
cccggttcca gcccttccgc ttcgactggg actggacccg gaaccccggg atcggggaca 3060
gcgtcaagct cgcccggaag ctccacgcct tcgggggcaa ccgggtcagc ctcgagccca 3120
ccagtcttga aacgccatca agctgaaata actcgtacta ctcttcagtc agatcaagag 3180
gaaatcgatt atgatgatac catatcagtt gaaatgaaga aggaagattt tgacatttat 3240

gatgaggatg aaaatcagag cccccgcagc tttcaaaaga aaacacgaca ctattttatt 3300
gctgcagtgg agaggctctg ggattatggg atgagtagct ccccacatgt tctaagaaac 3360
agggctcaga gtggcagtgt ccctcagttc aagaaagttg ttttccagga atttactgat 3420
ggctccttta ctcagccctt ataccgtgga gaactaaatg aacatttggg actcctgggg 3480
ccatatataa gagcagaagt tgaagataat atcatggtaa ctttcagaaa tcaggcctct 3540
cgtccctatt ccttctattc tagccttatt tcttatgagg aagatcagag gcaaggagca 3600
gaacctagaa aaaactttgt caagcctaat gaaaccaaaa cttacttttg gaaagtgcaa 3660

catcatatgg cacccactaa agatgagttt gactgcaaag cctgggctta tttctctgat 3720

gttgacctgg aaaaagatgt gcactcaggc ctgattggac cccttctggt ctgccacact 3780

aacacactga accctgctca tgggagacaa gtgacagtac aggaatttgc tctgtttttc 3840

accatctttg atgagaccaa aagctggtac ttcactgaaa atatggaaag aaactgcagg 3900

ggcgcgccag gtacgcccgg gtcgggaaca gcgtcctcaa gcccgggtag ctcgacgccg 3960

tcaggagcca cagggtcgcc gggatcgtcg actccatcag gcgcaacggg atcgcctgga 4020

tcaagcactc catccggagc gacgggaagc ccagggagct ccccgtccgc atcgactggg 4080

acgggacctg gagcaagccc cggtacgtcg tcaacaggtt cgcctggtgc ctcgcctggc 4140

acgtccagca cggggagccc cggaacgccg ggttccggaa ccgcatcctc ctcaccaggt 4200

gcctcaccgg gcacctcatc aacgggatca ccaggggctt caccgggaac gagctcgacg 4260

ggttcaccgg gagcgtcccc ggggacttcg tcgacaggta gcccaggggc aagccccggt 4320

acatcgtcaa cgggttcccc agggacaccg gggagcggta ctgcatcgtc ctcacccggt 4380

tcctcgacac ccagcggagc cacgggttcg cccggtactc cggggtccgg aacggccagc 4440

agctcacccg gttcctcgac gccatcaggt gccacgggct cgcctggaac gccaggctcg 4500

ggcactgcga gcagcagccc tggatcatca acgcctagcg gagcgaccgg ctcccctgga 4560

tcgtcaactc cctcgggcgc gactgggagc ccaggaagct caccgtcggc ctcgacggga 4620

acagggcctg gttcgagccc ctcagcttca acaggaacag gtccaggcgc gtcgccaggt 4680

acatcatcga cgggttcgcc tgggacccct gggtccggta ctgcctcatc atcgcccgga 4740

tcgtccaccc cctcgggagc gacaggttcg cctgcctcga gcgctccctg caatatccag 4800

atggaagatc ccacttttaa agagaattat cgcttccatg caatcaatgg ctacataatg 4860

gatacactac ctggcttagt aatggctcag gatcaaagga ttcgatggta tctgctcagc 4920

atgggcagca atgaaaacat ccattctatt catttcagtg gacatgtgtt cactgtacga 4980

aaaaaagagg agtataaaat ggcactgtac aatctctatc caggtgtttt tgagacagtg 5040

gaaatgttac catccaaagc tggaatttgg cgggtggaat gccttattgg cgagcatcta 5100

catgctggga tgagcacact ttttctggtg tacagcaata agtgtcagac tcccctggga 5160

atggcttctg gacacattag agattttcag attacagctt caggacaata tggacagtgg 5220

gccccaaagc tggccagact tcattattcc ggatcaatca atgcctggag caccaaggag 5280

ccctttttctt ggatcaaggt ggatctgttg gcaccaatga ttattcacgg catcaagacc 5340

cagggtgccc gtcagaagtt ctccagcctc tacatctctc agtttatcat catgtatagt 5400

cttgatggga agaagtggca gacttatcga ggaaattcca ctggaacctt aatggtcttc 5460

tttggcaatg tggattcatc tgggataaaa cacaatattt ttaaccctcc aattattgct 5520

cgatacatcc gtttgcaccc aactcattat agcattcgca gcactcttcg catggagttg 5580

atgggctgtg atttaaatag ttgcagcatg ccattgggaa tggagagtaa agcaatatca 5640

gatgcacaga ttactgcttc atcctacttt accaatatgt ttgccacctg gtctccttca 5700

aaagctcgac ttcacctcca agggaggagt aatgcctgga gacctcaggt gaataatcca 5760

aaagagtggc tgcaagtgga cttccagaag acaatgaaag tcacaggagt aactactcag 5820

ggagtaaaat ctctgcttac cagcatgtat gtgaaggagt tcctcatctc cagcagtcaa 5880

gatggccatc agtggactct ctttttcag aatggcaaag taaaggtttt tcagggaaat 5940

caagactcct tcacacctgt ggtgaactct ctagacccac cgttactgac tcgctacctt 6000

cgaattcacc cccagagttg ggtgcaccag attgccctga ggatggaggt tctgggctgc 6060

gaggcacagg acctctacgg cgcgccaccg ggagcgtcac ccggtacgtc ctcaacgggg 6120

agccctgggg catcacccgg cacgtcctcg acagggtccc ccggaacacc gggttcgggg 6180

actgcgtcgt cgtcacccgg ttcgtcaaca cccagcggtg cgacgggttc cccgggaacc 6240

cccggatcag gaacagcgtc gtcgagcccc ggaagctcga ccccgtcagg agcgaccggg 6300

tcgccaggaa cgcctgggtc gggtactgcc tcatcgtcgc cgggttcatc gacgccctcc 6360

ggagcaacag gttcacccgg gtcgtccacc cccagcggag cgactggatc accgggatcg 6420

agcccgtcgg catcgacagg aacaggtccc ggtagctccc catcggcctc cacggggacg 6480

gggcctggtg cgtcaccggg gacaagcagc acgggttcgc cgggaacgcc agggtcaggg 6540

accgcgtcgt cgagcccagg gtcgtccacc ccaagcgggg ctactgggtc cccgggtagc 6600

tcgccgagcg catcaacggg aaccggaccg ggcagctccc cctcagcgtc gacagggaca 6660

ggccctggcg cgagcccggg aacatcgtcg acggggtcac ccggagcatc gccagggacc 6720

tcgtcaactg gctcgcctgg atcgtcaacg ccctcgggag ccacggggtc gcccggatca 6780

tccccgtccg cctcaactgg cacaggccct ggtgcttccc ctggaacgtc cagcacaggc 6840

tcccccggtt ccagcccttc cgcttcgact gggactggac ccggaacccc gggatcgggg 6900

acagcgtcaa gctcgcccgg aagctccacg ccttcggggg caaccgggtc agcctcgagc 6960

gaacaaaaac tcatctcaga agaggatctg tcacctgcaa ccggtcatca tcaccatcac 7020

cattga 7026

<210> 1475

<211> 1452

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1475

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Ala Ser

1430 1435 1440

Ser His His His His His His His His

1445 1450

<210> 1476

<211> 4359

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1476

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccagcctcga gccatcacca tcatcaccat caccattga 4359

<210> 1477

<211> 1449

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1477

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Ala Ser Ser His His

1430 1435 1440

His His His His His His

1445

<210> 1478

<211> 4350

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1478

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact actttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca tatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacgcctcg 4320

agccatcacc atcatcacca tcaccattga 4350

<210> 1479

<211> 1899

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1479

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Gly Ala Pro Gly Ser Ser
20 25 30

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
35 40 45

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
50 55 60

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

65 70 75 80

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

85 90 95

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

100 105 110

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro

115 120 125

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

130 135 140

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

145 150 155 160

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser

165 170 175

Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr

180 185 190

Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu

195 200 205

Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro

210 215 220

Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn

225 230 235 240

Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp

245 250 255

Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu

260 265 270

Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp

275 280 285

Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu

290 295 300

Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser

305 310 315 320

Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys
325 330 335
Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe
340 345 350

Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
355 360 365
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val
370 375 380
Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg
385 390 395 400
Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val
405 410 415

His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg
420 425 430
Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr
435 440 445
Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser
450 455 460
His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro
465 470 475 480

Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr
485 490 495
Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp
500 505 510
Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His
515 520 525
Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp
530 535 540

Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln
545 550 555 560
Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val

565 570 575

Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile

580 585 590

Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

595 600 605

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn

610 615 620

Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

625 630 635 640

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly

645 650 655

Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

660 665 670

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn

675 680 685

Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys

690 695 700

Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys

705 710 715 720

Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr

725 730 735

Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln

740 745 750

Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn

755 760 765

Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val

770 775 780

Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser

785 790 795 800

Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp

805 810 815

Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met
820 825 830
Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
835 840 845
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn
850 855 860

Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
865 870 875 880
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro
885 890 895
Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln
900 905 910
Gly Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
915 920 925

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
965 970 975
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
995 1000 1005
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1025 1030 1035
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1040 1045 1050

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Ala Ser Ser Ser Asp Gln Glu Glu Ile

1055 1060 1065

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

1070 1075 1080

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

1085 1090 1095

Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp

1100 1105 1110

Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala

1115 1120 1125

Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu

1130 1135 1140

Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu

1145 1150 1155

Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val

1160 1165 1170

Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro

1175 1180 1185

Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg

1190 1195 1200

Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr

1205 1210 1215

Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

1220 1225 1230

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp

1235 1240 1245

Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val

1250 1255 1260

Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr

1265 1270 1275

Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys

1280 1285 1290

Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Gly Ala
1295 1300 1305
Pro Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1310 1315 1320
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1325 1330 1335
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1340 1345 1350

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1355 1360 1365
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1370 1375 1380
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1385 1390 1395
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1400 1405 1410

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1415 1420 1425
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser Ala Pro
1445 1450 1455
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1460 1465 1470

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1475 1480 1485
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1490 1495 1500
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1505 1510 1515
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1520 1525 1530

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1535 1540 1545
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1550 1555 1560
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1565 1570 1575
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1580 1585 1590

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1595 1600 1605
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1610 1615 1620
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1625 1630 1635
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1640 1645 1650

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1655 1660 1665
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1670 1675 1680
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1685 1690 1695
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1700 1705 1710

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1715 1720 1725
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1730 1735 1740
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1745 1750 1755

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1760 1765 1770

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1775 1780 1785
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1790 1795 1800
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1820 1825 1830

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1835 1840 1845
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1850 1855 1860
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1865 1870 1875
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Ala Ser Ser His His
1880 1885 1890

His His His His His His
1895

<210> 1480
<211> 5700
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polynucleotide
<400> 1480
gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60
ctcggtgagc tgcctgtggg cgcgccaggc tccagcccct ccgcgagcac gggaaccgga 120
ccaggttcgt caccctcagc atcaacgggg acgggaccgg gggcgtcacc aggaacgtcc 180
tccaccggct cgccgggtgc atcacccgga acgtcatcga ccggatcgcc agggagctcg 240

acgccatcag gcgcaacagg atcacctggc tcaagcccta gcgcgtcaac cggcacgggt 300

ccgggtgcct cccctggcac gtccagcacc ggatcacccg gatcgagccc atccgcctca 360

accggaaccg gacccggtac accagggtcg ggaacagcct cctcgtcacc aggctcctca 420

acccccctcgg gagccacggg ttcgcccggt tcgtcaacgc cttccggagc aactggtagc 480

cccggagcat cgccaggaac ttcgagcacg gggtcgcccg cctcgagcga cgcaagattt 540

cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg 600

tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt 660

ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt tatgatacag tggtcattac acttaagaac 720

atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct gttggtgtat cctactggaa agcttctgag 780

ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa agggagaaag aagatgataa agtcttccct 840

ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac 900

ccactgtgcc ttacctactc atatctttct catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca 960

ggcctcattg gagccctact agtatgtaga gaagggagtc tggccaagga aaagacacag 1020

accttgcaca aatttatact acttttgct gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca 1080

gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa 1140

atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg tctctgccag gtctgattgg atgccacagg 1200

aaatcagtct attggcatgt gattggaatg ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc 1260

ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca 1320

ataactttcc ttactgctca aacactcttg atggaccttg gacagtttct actgttttgt 1380

catatctctt cccaccaaca tgatggcatg gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca 1440

gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt 1500

actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt gatgatgaca actctccttc ctttatccaa 1560

attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa acttgggtac attacattgc tgctgaagag 1620

gaggactggg actatgctcc cttagtcctc gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa 1680

tatttgaaca atggccctca gcggattggt aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca 1740

tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa gctattcagc atgaatcagg aatcttggga 1800

cctttacttt atggggaagt tggagacaca ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc 1860

agaccatata acatctaccc tcacggaatc actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga 1920

ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa 1980

tataaatgga cagtgactgt agaagatggg ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc 2040

cgctattact ctagtttcgt taatatggag agagatctag cttcaggact cattggccct 2100

ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat caaagaggaa accagataat gtcagacaag 2160

aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat 2220

atacaacgct ttctccccaa tccagctgga gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc 2280

tccaacatca tgcacagcat caatggctat gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt 2340

ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta agcattggag cacagactga cttcctttct 2400

gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac aaaatggtct atgaagacac actcacccta 2460

ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg tcgatggaaa acccaggtct atggattctg 2520

gggtgccaca actcagactt tcggaacaga ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt 2580

tgtgacaaga acactggtga ttattacgag gacagttatg aagatatttc agcatacttg 2640

ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa 2700

cgccatcaac gggaaataac tcgtactact cttcagggcg cgccaggtac acccggatcg 2760

ggtacagcgt catcgagccc cggtgcgtca cctggtacgt cgagcacggg gtcgccaggg 2820

gcgtcccctg ggacgtcctc aacaggctcg cccggtgcgt cacccggcac gtcgtccacg 2880

ggttcacctg gtagctcccc ttccgcgtcc actggcaccg ggcctggaac tccggggagc 2940

ggcacagcga gctcgtcgcc gggagcatcg cctgggacat cgagcaccgg gtcgccagga 3000

gcatcgcccg gaacatccag cacaggaagc cccggcgcgt cgcccgggac atcaagcaca 3060

ggttccccgg gatcgagcac gccgtccgga gccactggat caccagggag ctcgacacct 3120

tccggcgcaa cgggatcgcc cggagccagc ccgggtacgt caagcactgg ctcccctgcc 3180

tcgagctcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 3240

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 3300

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 3360

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 3420

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 3480

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 3540

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 3600

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 3660

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 3720

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 3780

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 3840

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3900

atggaaagaa actgcagggg cgcgccaacg tccgaaagtg ctacccctga gtcaggccct 3960

ggtagtgagc ctgccacaag cggaagcgaa actccgggga cctcagagtc tgccactccc 4020

gaatcggggc caggctctga accggccact tcagggagcg aaacaccagg aacatcggag 4080

agcgctaccc cggagagcgg gccaggaact agtactgagc ctagcgaggg aagtgcacct 4140

ggtacaagcg agtccgccac acccgagtct ggccctggct ctccagcggg ctcacccacg 4200

agcactgaag agggctctcc cgctggcagc ccaacgtcga cagaagaagg atcaccagca 4260

ggctccccca catcaacaga ggagggtaca tcagaatctg ctactcccga gagtggaccc 4320

ggtacctcca ctgagcccag cgaggggagt gcaccaggtg cctcgagcgc tccctgcaat 4380

atccagatgg aagatcccac ttttaaagag aattatcgct tccatgcaat caatggctac 4440

ataatggata cactacctgg cttagtaatg gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg 4500

ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact 4560

gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag 4620

acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga atttggcggg tggaatgcct tattggcgag 4680

catctacatg ctgggatgag cacacttttt ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc 4740

ctgggaatgg cttctggaca cattagagat tttcagatta cagcttcagg acaatatgga 4800

cagtgggccc caaagctggc cagacttcat tattccggat caatcaatgc ctggagcacc 4860

aaggagccct tttcttggat caaggtggat ctgttggcac caatgattat tcacggcatc 4920

aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg 4980

tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg 5040

gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt 5100

attgctcgat acatccgttt gcacccaact cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg 5160

gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca 5220

atatcagatg cacagattac tgcttcatcc tactttacca atatgtttgc cacctggtct 5280

ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat 5340

aatccaaaag agtggctgca agtggacttc cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact 5400

actcagggag taaaatctct gcttaccagc atgtatgtga aggagttcct catctccagc 5460

agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag 5520

ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg aactctctag acccaccgtt actgactcgc 5580

taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg caccagattg ccctgaggat ggaggttctg 5640

ggctgcgagg cacaggacct ctacgcctcg agccatcacc atcatcacca tcaccattga 5700

<210> 1481

<211> 1596

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1481

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Thr Ser
1430 1435 1440
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1445 1450 1455
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1460 1465 1470
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1475 1480 1485

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
1490 1495 1500
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1505 1510 1515
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1520 1525 1530
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1535 1540 1545

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
1550 1555 1560
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1565 1570 1575
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ala Ser Ser His His His His His
1580 1585 1590
His His His
1595

<210> 1482

<211> 4791

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polynucleotide

<400> 1482

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaacatcta ccgagccttc cgaaggctct gcccctggga cctcagaatc tgcaacccct 4380

gaaagcggcc ctggaacctc cgaaagtgcc actcccgaga gcggcccagg gacaagcgag 4440

tcagcaaccc ctgagtctgg acccggcagc gagcctgcaa cctctggctc agagactccc 4500

ggctcagaac ccgctacctc aggctccgag acacccggct ctcctgctgg gagtcccact 4560

tccaccgagg aaggaacatc cactgagcct agtgagggct ctgcccctgg aaccagcaca 4620

gagccaagtg agggcagtgc accaggatcc gagccagcaa ccagcgggtc cgagactccc 4680

gggacctctg agtctgccac cccagagagc ggacccggca cttcaaccga gccctccgaa 4740

ggatcagcac caggtgcctc gagccatcac catcatcacc atcaccattg a 4791

<210> 1483

<211> 1596

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1483

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

```
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
        35                  40                  45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
    50                  55                  60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65                  70                  75                  80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
                85                  90                  95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
```

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

```
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
                725                 730                 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
            740                 745                 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
```

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

```
    1250                1255                1260
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                1270                1275

Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                1285                1290
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1295                1300                1305
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                1315                1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1325                1330                1335

Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1340                1345                1350
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1355                1360                1365
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1370                1375                1380
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1385                1390                1395

Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1400                1405                1410
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1415                1420                1425
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Pro Gly
    1430                1435                1440
Ser Ser  Pro Ser Ala Ser Thr  Gly Thr Gly Pro Gly  Ser Ser Pro
    1445                1450                1455

Ser Ala  Ser Thr Gly Thr Gly  Pro Gly Thr Pro Gly  Ser Gly Thr
    1460                1465                1470
Ala Ser  Ser Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1475                1480                1485
```

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1490 1495 1500
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1505 1510 1515

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1520 1525 1530
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1535 1540 1545
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1550 1555 1560
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1565 1570 1575

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Ala Ser Ser His His His His His
1580 1585 1590
His His His
1595

<210> 1484

<211> 4791

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1484

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660
gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720
tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780
ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840
catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900
atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960
gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080
gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140
acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200
gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260
aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320
gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380
ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500
tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560
ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620
agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680
caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740
gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800
gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920
agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820

tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880

cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940

gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000

atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060

aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120

gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240

ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300

atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360

ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420

tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480

tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540

ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccacccgggt cgtccccgtc ggcgtccacc ggaacagggc cagggtcatc cccgtcagcg 4380

tcgactggga cgggacccgg gacacccggt tcggggactg catcctcctc gcctggttcg 4440

tccaccccgt caggagccac gggttcgccg ggaagcagcc caagcgcatc cactggtaca 4500

gggcctgggg cttcaccggg tacttcatcc acggggtcac cgggaacgcc cggatcgggg 4560

acggcttcct catcaccagg atcgtcaaca ccctcgggcg caacgggcag ccccggaacc 4620

cctggttcgg gtacggcgtc gtcgagcccc ggtgcgagcc cgggaacaag ctcgacagga 4680

tcgcctgggg cgtcacccgg cacgtcgagc acaggcagcc ccggaacccc tggatcggga 4740

accgcgtcgt caagcgcctc gagccatcac catcatcacc atcaccattg a 4791

<210> 1485

<211> 1740

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1485

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

```
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
            980                 985                 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
        995                 1000                1005

Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1010                1015                1020
Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1025                1030                1035
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1040                1045                1050
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1055                1060                1065

Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1070                1075                1080
Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Gly Thr
1430 1435 1440
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1445 1450 1455
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1460 1465 1470
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1475 1480 1485

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1490 1495 1500
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1505 1510 1515
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1520 1525 1530
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1535 1540 1545

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

1565 1570 1575

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1580 1585 1590

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1595 1600 1605

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1610 1615 1620

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1625 1630 1635

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1655 1660 1665

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1670 1675 1680

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1685 1690 1695

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1700 1705 1710

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1715 1720 1725

Pro Ala Ser Ser His His His His His His His His His

1730 1735 1740

<210> 1486

<211> 5223

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1486

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttccttttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980
aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040
tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100
ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160
gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220
agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280
cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400
acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460
ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520
ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580
catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640
ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700
gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660

tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720

ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780

cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840

agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900

tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960

aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080

atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140

tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200

aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260

caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320

ccaggtacct cagagtctgc taccccgag tcagggccag gatcagagcc agccacctcc 4380

gggtctgaga cacccgggac ttccgagagt gccacccctg agtccggacc cgggtccgag 4440

cccgccactt ccggctccga aactcccggc acaagcgaga gcgctacccc agagtcagga 4500

ccaggaacat ctacagagcc ctctgaaggc tccgctccag ggtccccagc cggcagtccc 4560

actagcaccg aggagggaac ctctgaaagc gccacacccg aatcagggcc agggtctgag 4620

cctgctacca gcggcagcga gacaccaggc acctctgagt ccgccacacc agagtccgga 4680

cccggatctc ccgctgggag ccccacctcc actgaggagg gatctcctgc tggctctcca 4740

acatctactg aggaaggtac ctcaaccgag ccatccgagg gatcagctcc cggcacctca 4800

gagtcggcaa ccccggagtc tggacccgga acttccgaaa gtgccacacc agagtccggt 4860

cccgggactt cagaatcagc aacacccgag tccggccctg ggtctgaacc cgccacaagt 4920

ggtagtgaga caccaggatc agaacctgct acctcagggt cagagacacc cggatctccg 4980

gcaggctcac caacctccac tgaggagggc accagcacag aaccaagcga gggctccgca 5040

cccggaacaa gcactgaacc cagtgagggt tcagcacccg gctctgagcc ggccacaagt 5100

ggcagtgaga cacccggcac ttcagagagt gccacccccg agagtggccc aggcactagt 5160

accgagccct ctgaaggcag tgcgccagcc tcgagccatc accatcatca ccatcaccat 5220

tga 5223

<210> 1487

<211> 1740

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1487

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

```
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1205                 1210                 1215
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1220                 1225                 1230
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1235                 1240                 1245

Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1250                 1255                 1260
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                 1270                 1275
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                 1285                 1290
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1295                 1300                 1305

Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                 1315                 1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1325                 1330                 1335
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1340                 1345                 1350
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1355                 1360                 1365

Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1370                 1375                 1380
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1385                 1390                 1395
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1400                 1405                 1410
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu
    1415                 1420                 1425

Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Gly Ala  Pro Pro Gly
```

1430 1435 1440

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1445 1450 1455

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1460 1465 1470

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1475 1480 1485

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1490 1495 1500

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1505 1510 1515

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1520 1525 1530

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1535 1540 1545

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1550 1555 1560

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1565 1570 1575

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1580 1585 1590

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1595 1600 1605

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1610 1615 1620

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1625 1630 1635

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1640 1645 1650

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1655 1660 1665

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1670 1675 1680

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1685 1690 1695

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1700 1705 1710

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1715 1720 1725

Ser Ala Ser Ser His His His His His His His His
1730 1735 1740

<210> 1488

<211> 5223

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polynucleotide

<400> 1488

gccaccagaa gatactacct gggtgcagtg gaactgtcat gggactatat gcaaagtgat 60

ctcggtgagc tgcctgtgga cgcaagattt cctcctagag tgccaaaatc ttttccattc 120

aacacctcag tcgtgtacaa aaagactctg tttgtagaat tcacggatca ccttttcaac 180

atcgctaagc caaggccacc ctggatgggt ctgctaggtc ctaccatcca ggctgaggtt 240

tatgatacag tggtcattac acttaagaac atggcttccc atcctgtcag tcttcatgct 300

gttggtgtat cctactggaa agcttctgag ggagctgaat atgatgatca gaccagtcaa 360

agggagaaag aagatgataa agtcttccct ggtggaagcc atacatatgt ctggcaggtc 420

ctgaaagaga atggtccaat ggcctctgac ccactgtgcc ttacctactc atatctttct 480

catgtggacc tggtaaaaga cttgaattca ggcctcattg gagccctact agtatgtaga 540

gaagggagtc tggccaagga aaagacacag accttgcaca aatttatact acttttgct 600

gtatttgatg aagggaaaag ttggcactca gaaacaaaga actccttgat gcaggatagg 660

gatgctgcat ctgctcgggc ctggcctaaa atgcacacag tcaatggtta tgtaaacagg 720

tctctgccag gtctgattgg atgccacagg aaatcagtct attggcatgt gattggaatg 780

ggcaccactc ctgaagtgca ctcaatattc ctcgaaggtc acacatttct tgtgaggaac 840

catcgccagg ctagcttgga aatctcgcca ataactttcc ttactgctca aacactcttg 900

atggaccttg gacagtttct actgttttgt catatctctt cccaccaaca tgatggcatg 960

gaagcttatg tcaaagtaga cagctgtcca gaggaacccc aactacgaat gaaaaataat 1020

gaagaagcgg aagactatga tgatgatctt actgattctg aaatggatgt ggtcaggttt 1080

gatgatgaca actctccttc ctttatccaa attcgctcag ttgccaagaa gcatcctaaa 1140

acttgggtac attacattgc tgctgaagag gaggactggg actatgctcc cttagtcctc 1200

gcccccgatg acagaagtta taaaagtcaa tatttgaaca atggccctca gcggattggt 1260

aggaagtaca aaaaagtccg atttatggca tacacagatg aaacctttaa gactcgtgaa 1320

gctattcagc atgaatcagg aatcttggga cctttacttt atggggaagt tggagacaca 1380

ctgttgatta tatttaagaa tcaagcaagc agaccatata acatctaccc tcacggaatc 1440

actgatgtcc gtcctttgta ttcaaggaga ttaccaaaag gtgtaaaaca tttgaaggat 1500

tttccaattc tgccaggaga aatattcaaa tataaatgga cagtgactgt agaagatggg 1560

ccaactaaat cagatcctcg gtgcctgacc cgctattact ctagtttcgt taatatggag 1620

agagatctag cttcaggact cattggccct ctcctcatct gctacaaaga atctgtagat 1680

caaagaggaa accagataat gtcagacaag aggaatgtca tcctgttttc tgtatttgat 1740

gagaaccgaa gctggtacct cacagagaat atacaacgct ttctccccaa tccagctgga 1800

gtgcagcttg aggatccaga gttccaagcc tccaacatca tgcacagcat caatggctat 1860

gtttttgata gtttgcagtt gtcagtttgt ttgcatgagg tggcatactg gtacattcta 1920

agcattggag cacagactga cttcctttct gtcttcttct ctggatatac cttcaaacac 1980

aaaatggtct atgaagacac actcacccta ttcccattct caggagaaac tgtcttcatg 2040

tcgatggaaa acccaggtct atggattctg gggtgccaca actcagactt tcggaacaga 2100

ggcatgaccg ccttactgaa ggtttctagt tgtgacaaga acactggtga ttattacgag 2160

gacagttatg aagatatttc agcatacttg ctgagtaaaa acaatgccat tgaaccaaga 2220

agcttctctc aaaacccacc agtcttgaaa cgccatcaac gggaaataac tcgtactact 2280

cttcagtcag atcaagagga aatcgattat gatgatacca tatcagttga aatgaagaag 2340

gaagattttg acatttatga tgaggatgaa aatcagagcc cccgcagctt tcaaaagaaa 2400

acacgacact attttattgc tgcagtggag aggctctggg attatgggat gagtagctcc 2460

ccacatgttc taagaaacag ggctcagagt ggcagtgtcc ctcagttcaa gaaagttgtt 2520

ttccaggaat ttactgatgg ctcctttact cagcccttat accgtggaga actaaatgaa 2580

catttgggac tcctggggcc atatataaga gcagaagttg aagataatat catggtaact 2640

ttcagaaatc aggcctctcg tccctattcc ttctattcta gccttatttc ttatgaggaa 2700

gatcagaggc aaggagcaga acctagaaaa aactttgtca agcctaatga aaccaaaact 2760

tacttttgga aagtgcaaca tcatatggca cccactaaag atgagtttga ctgcaaagcc 2820
tgggcttatt tctctgatgt tgacctggaa aaagatgtgc actcaggcct gattggaccc 2880
cttctggtct gccacactaa cacactgaac cctgctcatg ggagacaagt gacagtacag 2940
gaatttgctc tgtttttcac catctttgat gagaccaaaa gctggtactt cactgaaaat 3000
atggaaagaa actgcagggc tccctgcaat atccagatgg aagatcccac ttttaaagag 3060
aattatcgct tccatgcaat caatggctac ataatggata cactacctgg cttagtaatg 3120
gctcaggatc aaaggattcg atggtatctg ctcagcatgg gcagcaatga aaacatccat 3180

tctattcatt tcagtggaca tgtgttcact gtacgaaaaa aagaggagta taaaatggca 3240
ctgtacaatc tctatccagg tgtttttgag acagtggaaa tgttaccatc caaagctgga 3300
atttggcggg tggaatgcct tattggcgag catctacatg ctgggatgag cacacttttt 3360
ctggtgtaca gcaataagtg tcagactccc ctgggaatgg cttctggaca cattagagat 3420
tttcagatta cagcttcagg acaatatgga cagtgggccc caaagctggc cagacttcat 3480
tattccggat caatcaatgc ctggagcacc aaggagccct tttcttggat caaggtggat 3540
ctgttggcac caatgattat tcacggcatc aagacccagg gtgcccgtca gaagttctcc 3600

agcctctaca tctctcagtt tatcatcatg tatagtcttg atgggaagaa gtggcagact 3660
tatcgaggaa attccactgg aaccttaatg gtcttctttg gcaatgtgga ttcatctggg 3720
ataaaacaca atatttttaa ccctccaatt attgctcgat acatccgttt gcacccaact 3780
cattatagca ttcgcagcac tcttcgcatg gagttgatgg gctgtgattt aaatagttgc 3840
agcatgccat tgggaatgga gagtaaagca atatcagatg cacagattac tgcttcatcc 3900
tactttacca atatgtttgc cacctggtct ccttcaaaag ctcgacttca cctccaaggg 3960
aggagtaatg cctggagacc tcaggtgaat aatccaaaag agtggctgca agtggacttc 4020

cagaagacaa tgaaagtcac aggagtaact actcagggag taaaatctct gcttaccagc 4080
atgtatgtga aggagttcct catctccagc agtcaagatg gccatcagtg gactctcttt 4140
tttcagaatg gcaaagtaaa ggtttttcag ggaaatcaag actccttcac acctgtggtg 4200
aactctctag acccaccgtt actgactcgc taccttcgaa ttcaccccca gagttgggtg 4260
caccagattg ccctgaggat ggaggttctg ggctgcgagg cacaggacct ctacggcgcg 4320
ccaccgggag cgtcacccgg tacgtcctca acggggagcc ctggggcatc acccggcacg 4380
tcctcgacag ggtccccccgg aacaccgggt tcggggactg cgtcgtcgtc acccggttcg 4440

tcaacaccca gcggtgcgac gggttccccg ggaacccccg gatcaggaac agcgtcgtcg 4500

agccccggaa gctcgacccc gtcaggagcg accgggtcgc caggaacgcc tgggtcgggt 4560

actgcctcat cgtcgccggg ttcatcgacg ccctccggag caacaggttc acccgggtcg 4620

tccaccccca gcggagcgac tggatcaccg ggatcgagcc cgtcggcatc gacaggaaca 4680

ggtcccggta gctccccatc ggcctccacg gggacggggc ctggtgcgtc accggggaca 4740

agcagcacgg gttcgccggg aacgccaggg tcagggaccg cgtcgtcgag cccagggtcg 4800

tccaccccaa gcggggctac tgggtccccg ggtagctcgc cgagcgcatc aacgggaacc 4860

ggaccgggca gctccccctc agcgtcgaca gggacaggcc ctggcgcgag cccgggaaca 4920

tcgtcgacgg ggtcacccgg agcatcgcca gggacctcgt caactggctc gcctggatcg 4980

tcaacgccct cgggagccac ggggtcgccc ggatcatccc cgtccgcctc aactggcaca 5040

ggccctggtg cttcccctgg aacgtccagc acaggctccc ccggttccag cccttccgct 5100

tcgactggga ctggacccgg aaccccggga tcggggacag cgtcaagctc gcccggaagc 5160

tccacgcctt cgggggcaac cgggtcagcc tcgagccatc accatcatca ccatcaccat 5220

tga 5223

<210> 1489

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1489

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro
35

<210> 1490

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1490

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro

35

<210> 1491

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1491

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

1 5 10 15

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 1492

<211> 36

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1492

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

20 25 30

Thr Gly Ser Pro

35

<210> 1493

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1493

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1 5 10 15

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
35 40

<210> 1494

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1494

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
1 5 10 15

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
20 25 30

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
35 40

<210> 1495

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1495

Gly Ala Pro Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1 5 10 15
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Pro Ser Gly Pro
35 40

<210> 1496

<211> 42

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1496

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1 5 10 15
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
20 25 30
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

35 40

<210> 1497

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1497

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

<210> 1498

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1498

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

1 5 10 15

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

20 25 30

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

50 55 60

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

65 70 75 80

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
100 105 110
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
115 120 125
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

130 135 140

<210> 1499

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1499

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
115 120 125
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

180 185 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

195 200 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

210 215 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

245 250 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

275 280 285

<210> 1500

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1500

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

20 25 30

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

50 55 60

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

65 70 75 80

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

85 90 95

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

130 135 140

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

145 150 155 160

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

165 170 175

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

180 185 190

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

210 215 220

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

275 280 285

<210> 1501

<211> 504

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1501

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro

50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

210 215 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
465 470 475 480
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
485 490 495
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
500

<210> 1502

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1502

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
20 25 30
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
50 55 60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
65 70 75 80
Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
85 90 95
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
100 105 110
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
115 120 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
130 135 140
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

145 150 155 160

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

165 170 175

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

180 185 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

210 215 220

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

225 230 235 240

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

260 265 270

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

275 280 285

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

290 295 300

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

305 310 315 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

325 330 335

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro

340 345 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

355 360 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

370 375 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu

385 390 395 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
405 410 415
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
420 425 430
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
435 440 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
450 455 460
Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465 470 475 480
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu
485 490 495
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
500 505 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
515 520 525
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
530 535 540
Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
545 550 555 560
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
565 570 575

<210> 1503
<211> 576
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1503
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

<210> 1504

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1504

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1 5 10 15

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

20 25 30

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

35 40 45

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

50 55 60

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

85 90 95

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

100 105 110

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

130 135 140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
145 150 155 160

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
165 170 175
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
180 185 190
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
195 200 205
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
210 215 220

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
225 230 235 240
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
245 250 255
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
260 265 270
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
275 280 285

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
290 295 300
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
305 310 315 320
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
325 330 335
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
340 345 350

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
355 360 365
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
370 375 380
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

385 390 395 400

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

405 410 415

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

420 425 430

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

435 440 445

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

450 455 460

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

465 470 475 480

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

485 490 495

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

500 505 510

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

515 520 525

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

530 535 540

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

545 550 555 560

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

565 570 575

<210> 1505

<211> 540

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1505

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

1 5 10 15

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
85 90 95
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
130 135 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
145 150 155 160
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
165 170 175
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
180 185 190
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
210 215 220
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
225 230 235 240
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
245 250 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
260 265 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
275 280 285
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr
290 295 300
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
305 310 315 320
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
325 330 335

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
340 345 350
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
355 360 365
Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385 390 395 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
405 410 415
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
420 425 430
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
435 440 445
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465 470 475 480
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
485 490 495
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

500 505 510

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

515 520 525

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

530 535 540

<210> 1506

<211> 836

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1506

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

1 5 10 15

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

20 25 30

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

35 40 45

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro

50 55 60

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro

100 105 110

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

115 120 125

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

130 135 140

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

145 150 155 160

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
165 170 175
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu
195 200 205
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
210 215 220

Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
225 230 235 240
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
260 265 270
Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
275 280 285

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
290 295 300
Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
305 310 315 320
Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
325 330 335
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
340 345 350

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
370 375 380
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
405 410 415

Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
420 425 430
Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly
435 440 445
Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
450 455 460
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
465 470 475 480

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
485 490 495
Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
500 505 510
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
515 520 525
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly
530 535 540

Ser Ser Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
545 550 555 560
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly
565 570 575
Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro
580 585 590
Gly Glu Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
595 600 605

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly
610 615 620
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
625 630 635 640
Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

645 650 655

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly

660 665 670

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

675 680 685

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

690 695 700

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

705 710 715 720

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

725 730 735

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

740 745 750

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly

755 760 765

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

770 775 780

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

785 790 795 800

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

805 810 815

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

820 825 830

Ser Gly Ser Ser

835

<210> 1507

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1507

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

<210> 1508

<211> 875

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (430)..(432)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (443)..(446)

<223> Any amino acid

<400> 1508

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro

1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

130 135 140

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro

145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

165 170 175

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

210 215 220

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser

245 250 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

260 265 270

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

275 280 285

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

290 295 300

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

305 310 315 320

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

340 345 350

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

355 360 365

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

385 390 395 400

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

405 410 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa

420 425 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu

435 440 445

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

450 455 460

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly

465 470 475 480

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu

485 490 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

500 505 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly

515 520 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
530 535 540
Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545 550 555 560
Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
565 570 575
Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu

580 585 590
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
595 600 605
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
610 615 620
Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro
625 630 635 640
Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

645 650 655
Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
660 665 670
Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser
675 680 685
Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
690 695 700
Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly

705 710 715 720
Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser
725 730 735
Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
740 745 750
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
755 760 765
Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

770 775 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser

785 790 795 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly

805 810 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser

820 825 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

835 840 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

850 855 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

865 870 875

<210> 1509

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1509

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

210 215 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
595 600 605
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
610 615 620
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
625 630 635 640
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

645 650 655
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
660 665 670
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
675 680 685
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
690 695 700
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
725 730 735
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
740 745 750
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
755 760 765
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

770 775 780
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
785 790 795 800
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
805 810 815
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
820 825 830
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

835 840 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860

<210> 1510

<211> 875

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1510

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro

100 105 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

210 215 220
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
290 295 300
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

340 345 350
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385 390 395 400
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser

435 440 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

465 470 475 480

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu

485 490 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser

500 505 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

515 520 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

530 535 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

545 550 555 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

565 570 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser

580 585 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser

595 600 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

610 615 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

625 630 635 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

645 650 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

690 695 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

705 710 715 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro

725 730 735

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

740 745 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

755 760 765

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

770 775 780

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

785 790 795 800

Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

805 810 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

820 825 830

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

835 840 845

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

850 855 860

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

865 870 875

<210> 1511

<211> 1318

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1511

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

20 25 30
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

85 90 95
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

145 150 155 160
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

210 215 220
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
290 295 300
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

340 345 350
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385 390 395 400
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
435 440 445
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
450 455 460
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

465 470 475 480
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly

485 490 495

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

500 505 510

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

515 520 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

530 535 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser

545 550 555 560

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly

565 570 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu

580 585 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

595 600 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

625 630 635 640

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

645 650 655

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

675 680 685

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

690 695 700

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

705 710 715 720

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

725 730 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser

740 745 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

755 760 765

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

770 775 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

785 790 795 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

805 810 815

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

820 825 830

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

835 840 845

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

850 855 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser

865 870 875 880

Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr

885 890 895

Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr

900 905 910

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

915 920 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

930 935 940

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

945 950 955 960

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

965 970 975

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

980 985 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr

995 1000 1005

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

1010 1015 1020

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1025 1030 1035

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1040 1045 1050

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1055 1060 1065

Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu

1070 1075 1080

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

1085 1090 1095

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1100 1105 1110

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr

1115 1120 1125

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1130 1135 1140

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1145 1150 1155

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1160 1165 1170

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1175 1180 1185

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1190 1195 1200

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

1205 1210 1215

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala

1220 1225 1230

Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser

1235 1240 1245

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1250 1255 1260

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1265 1270 1275

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1280 1285 1290

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1295 1300 1305

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1310 1315

<210> 1512

<211> 924

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1512

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser

1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly
85 90 95
Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr
100 105 110
Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro
115 120 125
Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu
145 150 155 160
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
180 185 190
Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
210 215 220
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225 230 235 240
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
245 250 255
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
275 280 285
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
290 295 300
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305 310 315 320
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
340 345 350
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
355 360 365
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
370 375 380
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385 390 395 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
405 410 415
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
435 440 445
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
450 455 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465 470 475 480
Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
485 490 495
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
500 505 510
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
530 535 540
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545 550 555 560
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
565 570 575

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
580 585 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
595 600 605

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
610 615 620

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625 630 635 640

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
645 650 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
675 680 685

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
725 730 735

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
740 745 750

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
755 760 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
770 775 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785 790 795 800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
805 810 815

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

820 825 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

835 840 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

850 855 860

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

865 870 875 880

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

885 890 895

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

900 905 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

915 920

<210> 1513

<211> 913

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1513

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro

1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
100 105 110
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
130 135 140
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
165 170 175
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
195 200 205
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
210 215 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
225 230 235 240
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
245 250 255
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
260 265 270
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
275 280 285

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
290 295 300
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305 310 315 320
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
340 345 350

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
355 360 365
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
370 375 380
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385 390 395 400
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
405 410 415

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
435 440 445
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
450 455 460
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465 470 475 480

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
485 490 495
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
515 520 525
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
530 535 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
565 570 575
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

580 585 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

625 630 635 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

645 650 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

660 665 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

675 680 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

690 695 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

705 710 715 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

740 745 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

755 760 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

770 775 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

785 790 795 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

805 810 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu

820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
835 840 845
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865 870 875 880
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
885 890 895
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
900 905 910
Pro

<210> 1514
<211> 864
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide
<400> 1514
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
1 5 10 15
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
35 40 45
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro

100 105 110

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

115 120 125

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser

130 135 140

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr

145 150 155 160

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser

180 185 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu

195 200 205

Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr

210 215 220

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala

225 230 235 240

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro

245 250 255

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

260 265 270

Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala

275 280 285

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro

290 295 300

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser

325 330 335

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
355 360 365
Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
385 390 395 400
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
420 425 430
Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr
450 455 460
Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
465 470 475 480
Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
500 505 510

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro
515 520 525
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro
530 535 540
Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
545 550 555 560
Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser
565 570 575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr
580 585 590
Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

595 600 605

Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala

610 615 620

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Glu Pro Ser Thr Ser

645 650 655

Glu Pro Gly Ala Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro

660 665 670

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr

675 680 685

Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

690 695 700

Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser

705 710 715 720

Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro Gly Ser Glu Pro

725 730 735

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

740 745 750

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Thr Ser Glu

770 775 780

Pro Ser Thr Ser Glu Pro Gly Ala Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

785 790 795 800

Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr Ser Thr Glu Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Thr Glu Pro Ser Gly Ser Gly Ala Ser Glu Pro Thr

835 840 845

Ser Thr Glu Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Pro Gly Ser Ala
850 855 860

<210> 1515

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1515

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
1 5 10 15

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
20 25 30

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
50 55 60

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
65 70 75 80

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
85 90 95

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
100 105 110

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
115 120 125

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly
130 135 140

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly
145 150 155 160

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser
165 170 175

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly

180 185 190

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly

195 200 205

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser

210 215 220

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly

225 230 235 240

Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly

245 250 255

Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser

260 265 270

Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly Gly Ser Gly Gly Glu Gly

275 280 285

<210> 1516

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1516

Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly

1 5 10 15

Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly

20 25 30

Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly

35 40 45

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly

50 55 60

Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu

65 70 75 80

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly

85 90 95

Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu
100 105 110
Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu
115 120 125
Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly
130 135 140
Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly
145 150 155 160

Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly
165 170 175
Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly
180 185 190
Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly
195 200 205
Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu
210 215 220

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly
225 230 235 240
Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu
245 250 255
Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu
260 265 270
Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly
275 280 285

<210> 1517
<211> 288
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1517

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
1 5 10 15
Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
20 25 30
Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
35 40 45

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
50 55 60
Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
65 70 75 80
Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
85 90 95
Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
100 105 110

Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
115 120 125
Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
130 135 140
Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
145 150 155 160
Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
165 170 175

Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
180 185 190
Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
195 200 205
Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
210 215 220
Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
225 230 235 240

Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser
245 250 255
Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser
260 265 270
Ser Ser Glu Ser Ser Ser Glu Ser Ser Glu Ser Ser Ser Ser Glu Ser
275 280 285

<210> 1518

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1518

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
1 5 10 15
Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
20 25 30
Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly
35 40 45
Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly
50 55 60

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser
65 70 75 80
Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu
85 90 95
Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly
100 105 110
Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu
115 120 125

Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu
130 135 140
Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser

145 150 155 160

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser

165 170 175

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly

180 185 190

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly

195 200 205

Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly

210 215 220

Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu

225 230 235 240

Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser

245 250 255

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu

260 265 270

Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu

275 280 285

<210> 1519

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1519

Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys

1 5 10 15

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys

20 25 30

Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu

35 40 45

Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Lys

50 55 60

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly
65 70 75 80

Lys Pro Gly Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu
85 90 95
Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Lys Pro Gly
100 105 110
Glu Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu
115 120 125
Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu
130 135 140

Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro
145 150 155 160
Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
165 170 175
Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly
180 185 190
Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro
195 200 205

Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly
210 215 220
Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly
225 230 235 240
Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu
245 250 255
Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly
260 265 270

Lys Pro Gly Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu
275 280 285
Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Lys Pro Gly
290 295 300
Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly

305 310 315 320

Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly

325 330 335

Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro

340 345 350

Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly

355 360 365

Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly

370 375 380

Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Glu Gly Lys

385 390 395 400

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly

405 410 415

Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu

420 425 430

Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Gly Gly Lys

435 440 445

Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Glu

450 455 460

Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly

465 470 475 480

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro

485 490 495

Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly

500 505 510

Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly

515 520 525

Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu

530 535 540

Gly Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly

545 550 555 560

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly
565 570 575

<210> 1520

<211> 558

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1520

Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys Pro
1 5 10 15

Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
20 25 30

Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys
50 55 60

Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
65 70 75 80

Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly
85 90 95

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly
115 120 125

Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly
130 135 140

Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu
145 150 155 160

Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
165 170 175

Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly

180 185 190

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Ser Gly Lys
195 200 205
Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly
210 215 220
Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Ser
225 230 235 240
Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly
245 250 255

Ser Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly
260 265 270
Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Lys Pro Gly Ser
275 280 285
Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys
290 295 300
Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Glu Gly Lys Pro Gly Gly Lys
305 310 315 320

Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly
325 330 335
Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Gly Lys Pro
340 345 350
Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
355 360 365
Pro Glu Gly Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
370 375 380

Gly Gly Lys Pro Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Glu
385 390 395 400
Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys
405 410 415
Pro Gly Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
420 425 430

Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Gly Lys Pro Glu
435 440 445

Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly
450 455 460
Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly
465 470 475 480
Gly Lys Pro Gly Ser Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly
485 490 495
Glu Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly Ser Gly
500 505 510

Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Glu Gly Gly
515 520 525
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Lys Pro Gly Glu Gly Gly Lys Pro Gly
530 535 540
Gly Glu Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly
545 550 555

<210> 1521

<211> 577

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1521

Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys
1 5 10 15
Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
20 25 30
Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
35 40 45
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro
50 55 60

Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly
65 70 75 80
Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly
85 90 95
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Gly
100 105 110
Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys
115 120 125

Pro Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly
130 135 140
Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly
145 150 155 160
Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
165 170 175
Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
180 185 190

Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys
195 200 205
Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
210 215 220
Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser
225 230 235 240
Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys Pro
245 250 255

Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser
260 265 270
Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly
275 280 285
Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly
290 295 300
Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys

305 310 315 320

Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
325 330 335
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly
340 345 350
Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys
355 360 365
Pro Gly Ser Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly
370 375 380

Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro
385 390 395 400
Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser
405 410 415
Gly Lys Pro Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
420 425 430
Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys
435 440 445

Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Lys
450 455 460
Pro Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly
465 470 475 480
Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys
485 490 495
Pro Gly Ser Gly Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
500 505 510

Lys Pro Gly Gly Gly Gly Lys Pro Gly Ser Gly Ser Gly Lys Pro Gly
515 520 525
Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Gly
530 535 540
Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly Gly Ser Gly Lys Pro Gly Ser Gly
545 550 555 560

Lys Pro Gly Gly Gly Ser Gly Gly Lys Pro Gly Lys Pro Gly Ser Gly
565 570 575

Gly

<210> 1522
<211> 576
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1522
Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
1 5 10 15
Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
20 25 30
Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly
35 40 45

Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly
50 55 60
Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Gly
65 70 75 80
Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu
85 90 95
Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser
100 105 110

Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu
115 120 125
Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu
130 135 140
Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
145 150 155 160
Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser

165 170 175

Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly
180 185 190
Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly
195 200 205
Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser
210 215 220
Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly
225 230 235 240

Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser
245 250 255
Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu
260 265 270
Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu
275 280 285
Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
290 295 300

Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser
305 310 315 320
Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly
325 330 335
Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly
340 345 350
Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser
355 360 365

Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly
370 375 380
Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser
385 390 395 400
Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu
405 410 415

Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu
420 425 430

Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser
435 440 445
Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly Ser
450 455 460
Glu Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly
465 470 475 480
Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly
485 490 495

Glu Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser
500 505 510
Glu Gly Glu Gly Gly Ser Glu Gly Gly Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly
515 520 525
Gly Ser Glu Gly Glu Gly Ser Glu Gly Gly Ser Glu Gly Glu Gly Gly
530 535 540
Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Gly Gly Glu Gly Ser Glu Gly Glu
545 550 555 560

Gly Ser Glu Gly Ser Gly Glu Gly Glu Gly Ser Gly Glu Gly Ser Glu
565 570 575

<210> 1523
<211> 288
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1523
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
65 70 75 80
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
115 120 125
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
165 170 175
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
180 185 190
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
195 200 205
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
210 215 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
245 250 255
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

275 280 285

<210> 1524

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1524

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
20 25 30

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
50 55 60

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
65 70 75 80

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
85 90 95

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
100 105 110

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
115 120 125

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
130 135 140

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
145 150 155 160

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
165 170 175

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

180 185 190

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

210 215 220

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

225 230 235 240

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

245 250 255

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

260 265 270

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

275 280 285

<210> 1525

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1525

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly

1 5 10 15

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

20 25 30

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu

50 55 60

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

65 70 75 80

Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser

85 90 95

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu
100 105 110
Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser
115 120 125

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro
130 135 140
Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro
145 150 155 160
Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
165 170 175
Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
180 185 190

Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
210 215 220
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser
225 230 235 240
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Gly Gly
245 250 255

Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser
275 280 285
Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Glu Ser Pro
290 295 300
Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser
305 310 315 320

Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser
325 330 335
Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro

340 345 350

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

355 360 365

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

370 375 380

Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu

385 390 395 400

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

405 410 415

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

420 425 430

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Glu Ser Pro

435 440 445

Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser

450 455 460

Gly Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro

465 470 475 480

Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser Gly Ser Ser Glu

485 490 495

Ser Gly Ser Ser Glu Gly Gly Pro Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu

500 505 510

Ser Gly Ser Ser Gly Ser Gly Gly Glu Pro Ser Glu Ser Gly Ser Ser

515 520 525

Gly Glu Ser Pro Gly Gly Ser Ser Gly Ser Glu Ser Gly Ser Glu Gly

530 535 540

Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser Gly Ser Ser Glu Ser Gly Ser Ser

545 550 555 560

Glu Gly Gly Pro Gly Ser Glu Gly Ser Ser Gly Pro Gly Glu Ser Ser

565 570 575

<210> 1526

<211> 577

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1526

Ala Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1 5 10 15

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
20 25 30

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
50 55 60

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
65 70 75 80

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
85 90 95

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
100 105 110

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
165 170 175

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
180 185 190

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
195 200 205

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

210 215 220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

260 265 270

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

275 280 285

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

290 295 300

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

305 310 315 320

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

340 345 350

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

355 360 365

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

370 375 380

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

385 390 395 400

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

405 410 415

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

420 425 430

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

435 440 445

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

450 455 460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
465 470 475 480
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
485 490 495

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
500 505 510
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
515 520 525
Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
530 535 540
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
565 570 575
Pro

<210> 1527
<211> 540
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1527
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
1 5 10 15
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
20 25 30

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

65 70 75 80

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

85 90 95

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

100 105 110

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

130 135 140

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro

145 150 155 160

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

165 170 175

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

180 185 190

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

210 215 220

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

245 250 255

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

260 265 270

Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

275 280 285

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr

290 295 300

Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly

305 310 315 320

Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
325 330 335
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
340 345 350

Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
355 360 365
Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
385 390 395 400
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
405 410 415

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
420 425 430
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
435 440 445
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
450 455 460
Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
465 470 475 480

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro
485 490 495
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
500 505 510
Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
515 520 525
Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
530 535 540
<210> 1528
<
211> 504
<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1528

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Asn Pro
195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
210 215 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

500

<210> 1529

<211> 816

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1529

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

<210> 1530

<211> 875

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (430)..(432)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (443)..(446)

<223> Any amino acid

<400> 1530

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1 5 10 15
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

20 25 30
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

85 90 95
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
100 105 110
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
115 120 125
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
130 135 140
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro

145 150 155 160
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
165 170 175
Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

210 215 220
Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
245 250 255
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
260 265 270
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

275 280 285
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
290 295 300
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
305 310 315 320
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
325 330 335
Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser

340 345 350
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
355 360 365
Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser
385 390 395 400
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

405 410 415
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa
420 425 430
Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu
435 440 445
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
450 455 460
Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly

465 470 475 480
Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu

485 490 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

500 505 510

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly

515 520 525

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

530 535 540

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser

545 550 555 560

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

565 570 575

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu

580 585 590

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

595 600 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

610 615 620

Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro

625 630 635 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

645 650 655

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser

675 680 685

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

690 695 700

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly

705 710 715 720

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser

725 730 735

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser

740 745 750

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly

755 760 765

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

770 775 780

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser

785 790 795 800

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly

805 810 815

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser

820 825 830

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

835 840 845

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

850 855 860

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

865 870 875

<210> 1531

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1531

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

210 215 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

595 600 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

625 630 635 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

675 680 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

690 695 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

725 730 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

755 760 765

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

770 775 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

785 790 795 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
805 810 815
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
820 825 830
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
835 840 845
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860

<210> 1532

<211> 868

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1532

Gly Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1 5 10 15
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
20 25 30
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

35 40 45
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
50 55 60
Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
65 70 75 80
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
85 90 95
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

100 105 110
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
115 120 125
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

130 135 140

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

145 150 155 160

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

165 170 175

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

180 185 190

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

195 200 205

Gly Ser Asn Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

210 215 220

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

225 230 235 240

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

245 250 255

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

260 265 270

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

275 280 285

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

290 295 300

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

305 310 315 320

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

325 330 335

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

340 345 350

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

355 360 365

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

370 375 380

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

385 390 395 400

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

405 410 415

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

420 425 430

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

435 440 445

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

450 455 460

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

465 470 475 480

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

485 490 495

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

500 505 510

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

515 520 525

Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

530 535 540

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

545 550 555 560

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

565 570 575

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

580 585 590

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

595 600 605

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

610 615 620

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

625 630 635 640

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

645 650 655

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

660 665 670

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

675 680 685

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

690 695 700

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

705 710 715 720

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

725 730 735

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

740 745 750

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

755 760 765

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

770 775 780

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

785 790 795 800

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

805 810 815

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

820 825 830

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

835 840 845

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

850 855 860

Thr Gly Ser Pro

865

<210> 1533

<211> 875
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1533

```
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1               5                  10                  15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
            20                  25                  30
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
    50                  55                  60
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65                  70                  75                  80
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
                85                  90                  95
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
            100                 105                 110

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
        115                 120                 125
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
    130                 135                 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145                 150                 155                 160
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
                165                 170                 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
            180                 185                 190
```

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
210 215 220
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
290 295 300

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
340 345 350
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385 390 395 400
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu Ser

435 440 445

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

450 455 460

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

465 470 475 480

Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu

485 490 495

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser

500 505 510

Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

515 520 525

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

530 535 540

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

545 550 555 560

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

565 570 575

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser Ser

580 585 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser

595 600 605

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

610 615 620

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

625 630 635 640

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

645 650 655

Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
690 695 700
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
705 710 715 720
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr Pro
725 730 735
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
740 745 750

Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
755 760 765
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
770 775 780
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
785 790 795 800
Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
805 810 815

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
820 825 830
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
835 840 845
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
850 855 860
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
865 870 875
<210> 1534
<211> 913

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1534
Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro

1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

50 55 60

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

65 70 75 80

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

85 90 95

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

100 105 110

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

115 120 125

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

130 135 140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

145 150 155 160

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

180 185 190

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

195 200 205

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

210 215 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

225 230 235 240

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
260 265 270
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
275 280 285
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
290 295 300

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
305 310 315 320
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335
Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
340 345 350
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
355 360 365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
370 375 380
Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
385 390 395 400
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
405 410 415
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
435 440 445
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
450 455 460
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465 470 475 480
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
485 490 495

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

500 505 510

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

515 520 525

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

530 535 540

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

545 550 555 560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

565 570 575

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

580 585 590

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

595 600 605

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

610 615 620

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

625 630 635 640

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

645 650 655

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

660 665 670

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

675 680 685

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

690 695 700

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

705 710 715 720

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

725 730 735

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

740 745 750

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
755 760 765

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
770 775 780

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
785 790 795 800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
805 810 815

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu
820 825 830

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
835 840 845

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
850 855 860

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
865 870 875 880

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
885 890 895

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
900 905 910

Pro

<210> 1535

<211> 924

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1535

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ala Ser
1 5 10 15

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

50 55 60

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly

85 90 95

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr

100 105 110

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro

115 120 125

Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser

130 135 140

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu

145 150 155 160

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

165 170 175

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

180 185 190

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

195 200 205

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

210 215 220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

225 230 235 240

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

245 250 255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

260 265 270

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
275 280 285
Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
290 295 300
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
305 310 315 320
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
325 330 335

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
340 345 350
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
355 360 365
Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
370 375 380
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
385 390 395 400

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
405 410 415
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
420 425 430
Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
435 440 445
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
450 455 460

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
465 470 475 480
Pro Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Glu
485 490 495
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
500 505 510
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser
530 535 540
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser
545 550 555 560
Ser Thr Ala Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
565 570 575
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
580 585 590

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
595 600 605
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
610 615 620
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Thr Ser
625 630 635 640
Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu
645 650 655

Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro
660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
675 680 685
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
690 695 700
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
725 730 735
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
740 745 750
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
755 760 765

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Ser Thr
770 775 780

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
785 790 795 800
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
805 810 815
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
820 825 830
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
835 840 845

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
850 855 860
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
865 870 875 880
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
885 890 895
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
900 905 910

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
915 920

<210> 1536

<211> 1318

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1536

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
1 5 10 15
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
20 25 30

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser
50 55 60
Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
65 70 75 80
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Glu Pro
100 105 110
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
210 215 220

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
260 265 270
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
290 295 300
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
305 310 315 320
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
325 330 335
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
340 345 350

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
385 390 395 400
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly Gly Ser Glu Pro Ala
435 440 445
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
450 455 460
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
465 470 475 480

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
485 490 495
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
500 505 510
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
515 520 525

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
530 535 540

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
545 550 555 560
Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
565 570 575
Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
580 585 590
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly
595 600 605

Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
610 615 620
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
625 630 635 640
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
645 650 655
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
660 665 670

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser
675 680 685
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
690 695 700
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
705 710 715 720
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
725 730 735

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser
740 745 750
Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly
755 760 765
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

770 775 780

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
785 790 795 800

Ser Ala Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
805 810 815
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
820 825 830
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
835 840 845
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
850 855 860

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Ala Ser
865 870 875 880
Gly Ala Pro Ser Thr Gly Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr
885 890 895
Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr
900 905 910
Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
915 920 925

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
930 935 940
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
945 950 955 960
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
965 970 975
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
980 985 990

Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr
995 1000 1005
Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
1010 1015 1020

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1025 1030 1035
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1040 1045 1050

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
1055 1060 1065
Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu
1070 1075 1080
Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly
1085 1090 1095
Ser Ala Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
1100 1105 1110

Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1115 1120 1125
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1130 1135 1140
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1145 1150 1155
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1160 1165 1170

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala
1175 1180 1185
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1190 1195 1200
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser
1205 1210 1215
Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala
1220 1225 1230

Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser
1235 1240 1245
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1250 1255 1260

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1265 1270 1275

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1280 1285 1290

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1295 1300 1305

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1310 1315

<210> 1537

<211> 1874

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1537

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Gly

115 120 125

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

130 135 140

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

145 150 155 160

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

165 170 175

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

180 185 190

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

195 200 205

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

210 215 220

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

225 230 235 240

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

245 250 255

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

260 265 270

Gly Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys

275 280 285

Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr

290 295 300

Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly

305 310 315 320

Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln

325 330 335

Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys

340 345 350

Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala

355 360 365

Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val

370 375 380

Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr

385 390 395 400

Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe

405 410 415

Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu

420 425 430

Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp

435 440 445

Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp

450 455 460

Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln

465 470 475 480

Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu

485 490 495

Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro

500 505 510

Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp

515 520 525

Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu

530 535 540

Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn

545 550 555 560

Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala

565 570 575

Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser

580 585 590

Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu

595 600 605

Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His

610 615 620

Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly
625 630 635 640
Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys
645 650 655
Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro

660 665 670
Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp
675 680 685
Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser
690 695 700
Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile
705 710 715 720
Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn

725 730 735
Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro
740 745 750
Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe
755 760 765
Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr
770 775 780
Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser

785 790 795 800
Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu
805 810 815
Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly
820 825 830
Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met
835 840 845
Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr

850 855 860
Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn

865 870 875 880

Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Gly Thr Ser Glu

885 890 895

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

900 905 910

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

915 920 925

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

930 935 940

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

945 950 955 960

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

965 970 975

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

980 985 990

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

995 1000 1005

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu

1010 1015 1020

Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

1025 1030 1035

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1040 1045 1050

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1055 1060 1065

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1070 1075 1080

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

1085 1090 1095

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1100 1105 1110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1115 1120 1125

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1130 1135 1140

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1145 1150 1155

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1160 1165 1170

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Pro Pro Val Leu Lys Arg His

1175 1180 1185

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu

1190 1195 1200

Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp

1205 1210 1215

Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe

1220 1225 1230

Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu

1235 1240 1245

Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg

1250 1255 1260

Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

1265 1270 1275

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu

1280 1285 1290

Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu

1295 1300 1305

Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg

1310 1315 1320

Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

1325 1330 1335

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu

1340 1345 1350

Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr

1355 1360 1365

Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val

1370 1375 1380

Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu

1385 1390 1395

Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val

1400 1405 1410

Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

1415 1420 1425

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala

1430 1435 1440

Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr

1445 1450 1455

Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly

1460 1465 1470

Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser

1475 1480 1485

Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His

1490 1495 1500

Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr

1505 1510 1515

Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser

1520 1525 1530

Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu

1535 1540 1545

His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys

1550 1555 1560

Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln

1565 1570 1575

Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala

1580 1585 1590

Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu

1595 1600 1605

Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile

1610 1615 1620

His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu

1625 1630 1635

Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys

1640 1645 1650

Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe

1655 1660 1665

Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn

1670 1675 1680

Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr

1685 1690 1695

Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu

1700 1705 1710

Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser

1715 1720 1725

Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala

1730 1735 1740

Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser

1745 1750 1755

Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln

1760 1765 1770

Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln

1775 1780 1785

Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu

1790 1795 1800

Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln

1805 1810 1815

Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr

1820 1825 1830

Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu

1835 1840 1845

Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met

1850 1855 1860

Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1865 1870

<210> 1538

<211> 2162

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1538

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
370 375 380

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
385 390 395 400
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
405 410 415
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
420 425 430
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
435 440 445

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
450 455 460
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
465 470 475 480
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
485 490 495
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
500 505 510

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
515 520 525
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
530 535 540
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
545 550 555 560
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
565 570 575

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
580 585 590
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
595 600 605
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

610 615 620

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

625 630 635 640

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

645 650 655

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

660 665 670

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

675 680 685

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

690 695 700

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

705 710 715 720

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

725 730 735

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

740 745 750

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

755 760 765

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

770 775 780

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

785 790 795 800

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

805 810 815

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

820 825 830

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

835 840 845

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

850 855 860

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
865 870 875 880
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
885 890 895

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
900 905 910
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
915 920 925
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
930 935 940
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Lys Lys His Pro Lys Thr Trp
945 950 955 960

Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu
965 970 975
Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn
980 985 990
Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala
995 1000 1005
Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu
1010 1015 1020

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr
1025 1030 1035
Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile
1040 1045 1050
Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg
1055 1060 1065
Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro
1070 1075 1080

Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly
1085 1090 1095
Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser

1100 1105 1110

Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1115 1120 1125

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln

1130 1135 1140

Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

1145 1150 1155

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu

1160 1165 1170

Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala

1175 1180 1185

Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu

1190 1195 1200

Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

1205 1210 1215

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly

1220 1225 1230

Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu

1235 1240 1245

Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro

1250 1255 1260

Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg

1265 1270 1275

Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr

1280 1285 1290

Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu

1295 1300 1305

Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn

1310 1315 1320

Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

1325 1330 1335

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1340 1345 1350
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
1355 1360 1365
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1370 1375 1380

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1385 1390 1395
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1400 1405 1410
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1415 1420 1425
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1430 1435 1440

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr
1445 1450 1455
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Pro Pro Val Leu
1460 1465 1470
Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp
1475 1480 1485
Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys
1490 1495 1500

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
1505 1510 1515
Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val
1520 1525 1530
Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu
1535 1540 1545
Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
1550 1555 1560

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

1565 1570 1575

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

1580 1585 1590

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln

1595 1600 1605

Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

1610 1615 1620

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

1625 1630 1635

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met

1640 1645 1650

Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

1655 1660 1665

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

1670 1675 1680

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

1685 1690 1695

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe

1700 1705 1710

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

1715 1720 1725

Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys

1730 1735 1740

Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr

1745 1750 1755

Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr

1760 1765 1770

Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe

1775 1780 1785

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met

1790 1795 1800

Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met
1805 1810 1815
Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly
1820 1825 1830
Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser
1835 1840 1845
Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg
1850 1855 1860

Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro
1865 1870 1875
Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser
1880 1885 1890
Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro
1895 1900 1905
Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe
1910 1915 1920

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp
1925 1930 1935
Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu
1940 1945 1950
Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn
1955 1960 1965
Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro
1970 1975 1980

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly
1985 1990 1995
Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys
2000 2005 2010
Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn
2015 2020 2025
Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

2030 2035 2040

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu
2045 2050 2055
Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val
2060 2065 2070
Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys
2075 2080 2085
Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu
2090 2095 2100

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp
2105 2110 2115
Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr
2120 2125 2130
Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala
2135 2140 2145
Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
2150 2155 2160

<210> 1539
<211> 2449
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1539
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Gly Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly
900 905 910
Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser
915 920 925
Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser
930 935 940

Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly
945 950 955 960
Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser
965 970 975
Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser
980 985 990
Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly
995 1000 1005

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro
1010 1015 1020
Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu
1025 1030 1035
Ser Ser Thr Ala Pro Gly Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu

1040 1045 1050

Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe

1055 1060 1065

Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp

1070 1075 1080

Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp

1085 1090 1095

Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn

1100 1105 1110

Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe

1115 1120 1125

Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe

1130 1135 1140

Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln

1145 1150 1155

Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile

1160 1165 1170

Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln

1175 1180 1185

Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu

1190 1195 1200

Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg

1205 1210 1215

Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly

1220 1225 1230

Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp

1235 1240 1245

Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser

1250 1255 1260

Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly

1265 1270 1275

Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly
1280 1285 1290
Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser
1295 1300 1305

Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile
1310 1315 1320
Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr
1325 1330 1335
Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe
1340 1345 1350
Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg
1355 1360 1365

Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp
1370 1375 1380
Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala
1385 1390 1395
Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr
1400 1405 1410
Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met
1415 1420 1425

Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr
1430 1435 1440
Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser
1445 1450 1455
Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro
1460 1465 1470
Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys
1475 1480 1485

Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu
1490 1495 1500
Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln

1505 1510 1515

Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys

1520 1525 1530

Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser

1535 1540 1545

Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln

1550 1555 1560

Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys

1565 1570 1575

Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1580 1585 1590

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1595 1600 1605

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1610 1615 1620

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1625 1630 1635

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1640 1645 1650

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1655 1660 1665

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

1670 1675 1680

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1685 1690 1695

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1700 1705 1710

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1715 1720 1725

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1730 1735 1740

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
1745 1750 1755
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1760 1765 1770
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1805 1810 1815
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1820 1825 1830
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1850 1855 1860
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
1865 1870 1875
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1880 1885 1890
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
1910 1915 1920
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1925 1930 1935
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1940 1945 1950
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1955 1960 1965

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1985 1990 1995

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2000 2005 2010

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2015 2020 2025

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

2030 2035 2040

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2045 2050 2055

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2075 2080 2085

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2090 2095 2100

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly

2105 2110 2115

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

2120 2125 2130

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

2135 2140 2145

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

2150 2155 2160

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

2165 2170 2175

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2180 2185 2190

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2195 2200 2205

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2210 2215 2220
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
2225 2230 2235
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2240 2245 2250
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
2255 2260 2265

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
2270 2275 2280
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2285 2290 2295
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2300 2305 2310
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2315 2320 2325

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
2330 2335 2340
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2345 2350 2355
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
2360 2365 2370
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu
2375 2380 2385

Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr
2390 2395 2400
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala
2405 2410 2415
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2420 2425 2430
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2435 2440 2445

Pro

<210> 1540

<211> 2450

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1540

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1145 1150 1155

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1160 1165 1170

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1175 1180 1185

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1190 1195 1200

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1205 1210 1215

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1220 1225 1230

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1235 1240 1245

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1250 1255 1260

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1265 1270 1275

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1280 1285 1290

Ser Gly Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser

1295 1300 1305

Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile

1310 1315 1320

Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr

1325 1330 1335

Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe

1340 1345 1350

Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg

1355 1360 1365

Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp

1370 1375 1380

```
Ser Ser  Gly Ile Lys His Asn  Ile Phe Asn Pro Pro  Ile Ile Ala
    1385                1390                1395
Arg Tyr  Ile Arg Leu His Pro  Thr His Tyr Ser Ile  Arg Ser Thr
    1400                1405                1410
Leu Arg  Met Glu Leu Met Gly  Cys Asp Leu Asn Ser  Cys Ser Met
    1415                1420                1425

Pro Leu  Gly Met Glu Ser Lys  Ala Ile Ser Asp Ala  Gln Ile Thr
    1430                1435                1440
Ala Ser  Ser Tyr Phe Thr Asn  Met Phe Ala Thr Trp  Ser Pro Ser
    1445                1450                1455
Lys Ala  Arg Leu His Leu Gln  Gly Arg Ser Asn Ala  Trp Arg Pro
    1460                1465                1470
Gln Gly  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser Thr Gly  Ser Pro Gly
    1475                1480                1485

Ser Ser  Pro Ser Ala Ser Thr  Gly Thr Gly Pro Gly  Ser Ser Pro
    1490                1495                1500
Ser Ala  Ser Thr Gly Thr Gly  Pro Gly Thr Pro Gly  Ser Gly Thr
    1505                1510                1515
Ala Ser  Ser Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1520                1525                1530
Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr Gly Thr  Gly Pro Gly
    1535                1540                1545

Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Gly  Thr Pro Gly
    1550                1555                1560
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    1565                1570                1575
Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Thr  Pro Gly Ser Gly Thr  Ala Ser Ser
    1580                1585                1590
Ser Pro  Gly Ala Ser Pro Gly  Thr Ser Ser Thr Gly  Ser Pro Gly
    1595                1600                1605

Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Gly  Thr Pro Gly
```

1610 1615 1620

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

1625 1630 1635

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1640 1645 1650

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1655 1660 1665

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1670 1675 1680

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1685 1690 1695

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1700 1705 1710

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1715 1720 1725

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1745 1750 1755

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1760 1765 1770

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1775 1780 1785

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

1790 1795 1800

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1805 1810 1815

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1820 1825 1830

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

1835 1840 1845

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1850 1855 1860
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1865 1870 1875
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1880 1885 1890
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
1895 1900 1905

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1910 1915 1920
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1925 1930 1935
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1940 1945 1950
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1955 1960 1965

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1970 1975 1980
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1985 1990 1995
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2000 2005 2010
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2015 2020 2025

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
2030 2035 2040
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
2045 2050 2055
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2060 2065 2070
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2075 2080 2085

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
2090 2095 2100
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
2105 2110 2115
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2120 2125 2130
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
2135 2140 2145

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
2150 2155 2160
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
2165 2170 2175
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2180 2185 2190
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
2195 2200 2205

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
2210 2215 2220
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2225 2230 2235
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2240 2245 2250
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
2255 2260 2265

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
2270 2275 2280
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
2285 2290 2295
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2300 2305 2310

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
2315 2320 2325

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Val Asn Asn
2330 2335 2340
Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val
2345 2350 2355
Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met
2360 2365 2370
Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln
2375 2380 2385

Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly
2390 2395 2400
Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro
2405 2410 2415
Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His
2420 2425 2430
Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp
2435 2440 2445

Leu Tyr
2450
<210> 1541
<211> 1715
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1541
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr

900 905 910

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

915 920 925

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

930 935 940

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

945 950 955 960

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

965 970 975

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

980 985 990

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

995 1000 1005

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1010 1015 1020

```
Ser Gly  Pro Gly Ser Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro
    1025                1030                1035
Gly Thr  Ser Thr Glu Pro Ser  Glu Gly Ser Ala Pro  Gly Ala Glu
    1040                1045                1050
Pro Arg  Lys Asn Phe Val Lys  Pro Asn Glu Thr Lys  Thr Tyr Phe

    1055                1060                1065
Trp Lys  Val Gln His His Met  Ala Pro Thr Lys Asp  Glu Phe Asp
    1070                1075                1080
Cys Lys  Ala Trp Ala Tyr Phe  Ser Asp Val Asp Leu  Glu Lys Asp
    1085                1090                1095
Val His  Ser Gly Leu Ile Gly  Pro Leu Leu Val Cys  His Thr Asn
    1100                1105                1110
Thr Leu  Asn Pro Ala His Gly  Arg Gln Val Thr Val  Gln Glu Phe

    1115                1120                1125
Ala Leu  Phe Phe Thr Ile Phe  Asp Glu Thr Lys Ser  Trp Tyr Phe
    1130                1135                1140
Thr Glu  Asn Met Glu Arg Asn  Cys Arg Ala Pro Cys  Asn Ile Gln
    1145                1150                1155
Met Glu  Asp Pro Thr Phe Lys  Glu Asn Tyr Arg Phe  His Ala Ile
    1160                1165                1170
Asn Gly  Tyr Ile Met Asp Thr  Leu Pro Gly Leu Val  Met Ala Gln

    1175                1180                1185
Asp Gln  Arg Ile Arg Trp Tyr  Leu Leu Ser Met Gly  Ser Asn Glu
    1190                1195                1200
Asn Ile  His Ser Ile His Phe  Ser Gly His Val Phe  Thr Val Arg
    1205                1210                1215
Lys Lys  Glu Glu Tyr Lys Met  Ala Leu Tyr Asn Leu  Tyr Pro Gly
    1220                1225                1230
Val Phe  Glu Thr Val Glu Met  Leu Pro Ser Lys Ala  Gly Ile Trp

    1235                1240                1245
Arg Val  Glu Cys Leu Ile Gly  Glu His Leu His Ala  Gly Met Ser
```

1250 1255 1260

Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly

1265 1270 1275

Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly

1280 1285 1290

Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser

1295 1300 1305

Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile

1310 1315 1320

Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr

1325 1330 1335

Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1340 1345 1350

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1355 1360 1365

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1370 1375 1380

Pro Ala Gly Ser Pro Gly Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile

1385 1390 1395

Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly

1400 1405 1410

Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser

1415 1420 1425

Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg

1430 1435 1440

Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu

1445 1450 1455

Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro

1460 1465 1470

Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala

1475 1480 1485

Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys

1490 1495 1500

Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln

1505 1510 1515

Val Gly Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1520 1525 1530

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1535 1540 1545

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Gly

1550 1555 1560

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1565 1570 1575

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1580 1585 1590

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1595 1600 1605

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Gly Thr Glu Pro Ser

1610 1615 1620

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1625 1630 1635

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1640 1645 1650

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Lys Val Lys Val Phe Gln Gly

1655 1660 1665

Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro

1670 1675 1680

Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His

1685 1690 1695

Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp

1700 1705 1710

Leu Tyr

1715

<210> 1542

<211> 3317

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1542

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Gly Pro Gly
20 25 30

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
35 40 45

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
50 55 60

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
65 70 75 80

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
85 90 95

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
100 105 110

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
115 120 125

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
130 135 140

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
145 150 155 160

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Gly Phe
165 170 175

Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr
180 185 190

Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala
195 200 205
Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala
210 215 220
Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His
225 230 235 240

Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu
245 250 255
Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp
260 265 270
Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys
275 280 285
Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr
290 295 300

Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly
305 310 315 320
Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln
325 330 335
Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys
340 345 350
Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala
355 360 365

Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val
370 375 380
Asn Arg Ser Leu Pro Gly Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
385 390 395 400
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
405 410 415
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
420 425 430

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

435 440 445

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

450 455 460

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

465 470 475 480

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

485 490 495

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

500 505 510

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

515 520 525

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

530 535 540

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

545 550 555 560

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

565 570 575

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

580 585 590

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

595 600 605

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

610 615 620

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

625 630 635 640

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

645 650 655

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

660 665 670

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser

675 680 685

Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser
690 695 700
Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala
705 710 715 720
Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu
725 730 735
Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln
740 745 750

His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu
755 760 765
Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp
770 775 780
Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn
785 790 795 800
Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys
805 810 815

Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala
820 825 830
Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu
835 840 845
Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe
850 855 860
Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His
865 870 875 880

Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr
885 890 895
Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr
900 905 910
Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro
915 920 925
Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile

930 935 940

Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser
945 950 955 960
Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu
965 970 975
Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys
980 985 990
Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn
995 1000 1005

Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu
1010 1015 1020
Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln
1025 1030 1035
Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile
1040 1045 1050
Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His
1055 1060 1065

Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp
1070 1075 1080
Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met
1085 1090 1095
Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr
1100 1105 1110
Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys
1115 1120 1125

His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys
1130 1135 1140
Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser
1145 1150 1155
Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile
1160 1165 1170

Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
1175 1180 1185

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu
1190 1195 1200
Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp
1205 1210 1215
Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe
1220 1225 1230
Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu
1235 1240 1245

Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg
1250 1255 1260
Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln
1265 1270 1275
Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu
1280 1285 1290
Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu
1295 1300 1305

Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg
1310 1315 1320
Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln
1325 1330 1335
Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu
1340 1345 1350
Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr
1355 1360 1365

Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val
1370 1375 1380
Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu
1385 1390 1395
Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val

1400 1405 1410

Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

1415 1420 1425

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala

1430 1435 1440

Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr

1445 1450 1455

Arg Phe His Ala Gly Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro

1460 1465 1470

Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu

1475 1480 1485

Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly

1490 1495 1500

His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu

1505 1510 1515

Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro

1520 1525 1530

Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His

1535 1540 1545

Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys

1550 1555 1560

Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe

1565 1570 1575

Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu

1580 1585 1590

Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys

1595 1600 1605

Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile

1610 1615 1620

Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gly Ser Pro Ala Gly

1625 1630 1635

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1640 1645 1650
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1655 1660 1665

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1670 1675 1680
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1685 1690 1695
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1700 1705 1710
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr
1715 1720 1725

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser
1730 1735 1740
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
1745 1750 1755
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
1760 1765 1770
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1775 1780 1785

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
1790 1795 1800
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
1805 1810 1815
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
1820 1825 1830
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
1835 1840 1845

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
1850 1855 1860
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1880 1885 1890

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1910 1915 1920

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1925 1930 1935

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1940 1945 1950

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1955 1960 1965

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1985 1990 1995

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2000 2005 2010

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

2015 2020 2025

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

2030 2035 2040

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

2045 2050 2055

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

2060 2065 2070

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

2075 2080 2085

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

2090 2095 2100

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
2105 2110 2115
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
2120 2125 2130
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly
2135 2140 2145

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
2150 2155 2160
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
2165 2170 2175
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
2180 2185 2190
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala
2195 2200 2205

Pro Gly Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
2210 2215 2220
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
2225 2230 2235
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
2240 2245 2250
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
2255 2260 2265

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
2270 2275 2280
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
2285 2290 2295
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
2300 2305 2310
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
2315 2320 2325

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

2330 2335 2340

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

2345 2350 2355

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

2360 2365 2370

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

2375 2380 2385

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

2390 2395 2400

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

2405 2410 2415

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

2420 2425 2430

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

2435 2440 2445

Gln Asp Leu Tyr Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2450 2455 2460

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2465 2470 2475

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

2480 2485 2490

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2495 2500 2505

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2510 2515 2520

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2525 2530 2535

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

2540 2545 2550

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2555 2560 2565

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2570 2575 2580
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2585 2590 2595
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
2600 2605 2610
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
2615 2620 2625

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2630 2635 2640
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
2645 2650 2655
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2660 2665 2670
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2675 2680 2685

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2690 2695 2700
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2705 2710 2715
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
2720 2725 2730
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
2735 2740 2745

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2750 2755 2760
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2765 2770 2775
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
2780 2785 2790
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2795 2800 2805

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2810 2815 2820
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2825 2830 2835
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
2840 2845 2850
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
2855 2860 2865

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2870 2875 2880
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
2885 2890 2895
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
2900 2905 2910
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2915 2920 2925

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2930 2935 2940
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2945 2950 2955
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
2960 2965 2970
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
2975 2980 2985

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2990 2995 3000
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
3005 3010 3015
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
3020 3025 3030

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
3035 3040 3045

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
3050 3055 3060
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
3065 3070 3075
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
3080 3085 3090
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
3095 3100 3105

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
3110 3115 3120
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
3125 3130 3135
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala
3140 3145 3150
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro
3155 3160 3165

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
3170 3175 3180
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
3185 3190 3195
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
3200 3205 3210
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
3215 3220 3225

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
3230 3235 3240
Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
3245 3250 3255
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

3260 3265 3270

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

3275 3280 3285

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

3290 3295 3300

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

3305 3310 3315

<210> 1543

<211> 3347

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1543

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg

740 745 750

Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys

755 760 765

Thr Asp Pro Trp Phe Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn

770 775 780

Val Ser Ser Ser Asp Leu Leu Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro

785 790 795 800

His Gly Leu Ser Leu Ser Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe

805 810 815

Ser Asp Asp Pro Ser Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser

820 825 830

Glu Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val

835 840 845

Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu Gly

850 855 860

Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val Ser Ser

865 870 875 880

Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn Leu Ala Ala
885 890 895
Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser Met Pro Val His
900 905 910

Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys Ser Ser Pro
915 920 925
Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu Asn Asn Asp
930 935 940
Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp
945 950 955 960
Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly Lys
965 970 975

Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys
980 985 990
Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr Asn Lys Thr Ser Asn Asn Ser Ala
995 1000 1005
Thr Asn Arg Lys Thr His Ile Asp Gly Pro Ser Leu Leu Ile Glu
1010 1015 1020
Asn Ser Pro Ser Val Trp Gln Asn Ile Leu Glu Ser Asp Thr Glu
1025 1030 1035

Phe Lys Lys Val Thr Pro Leu Ile His Asp Arg Met Leu Met Asp
1040 1045 1050
Lys Asn Ala Thr Ala Leu Arg Leu Asn His Met Ser Asn Lys Thr
1055 1060 1065
Thr Ser Ser Lys Asn Met Glu Met Val Gln Gln Lys Lys Glu Gly
1070 1075 1080
Pro Ile Pro Pro Asp Ala Gln Asn Pro Asp Met Ser Phe Phe Lys
1085 1090 1095

Met Leu Phe Leu Pro Glu Ser Ala Arg Trp Ile Gln Arg Thr His
1100 1105 1110
Gly Lys Asn Ser Leu Asn Ser Gly Gln Gly Pro Ser Pro Lys Gln

1115 1120 1125

Leu Val Ser Leu Gly Pro Glu Lys Ser Val Glu Gly Gln Asn Phe

1130 1135 1140

Leu Ser Glu Lys Asn Lys Val Val Val Gly Lys Gly Glu Phe Thr

1145 1150 1155

Lys Asp Val Gly Leu Lys Glu Met Val Phe Pro Ser Ser Arg Asn

1160 1165 1170

Leu Phe Leu Thr Asn Leu Asp Asn Leu His Glu Asn Asn Thr His

1175 1180 1185

Asn Gln Glu Lys Lys Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys Lys Glu Thr

1190 1195 1200

Leu Ile Gln Glu Asn Val Val Leu Pro Gln Ile His Thr Val Thr

1205 1210 1215

Gly Thr Lys Asn Phe Met Lys Asn Leu Phe Leu Leu Ser Thr Arg

1220 1225 1230

Gln Asn Val Glu Gly Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu

1235 1240 1245

Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys

1250 1255 1260

His Thr Ala His Phe Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu

1265 1270 1275

Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys

1280 1285 1290

Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr

1295 1300 1305

Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu

1310 1315 1320

Glu Thr Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr

1325 1330 1335

Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr

1340 1345 1350

```
Gln Ile  Asp Tyr Asn Glu Lys  Glu Lys Gly Ala Ile  Thr Gln Ser
    1355                 1360                 1365
Pro Leu  Ser Asp Cys Leu Thr  Arg Ser His Ser Ile  Pro Gln Ala
    1370                 1375                 1380
Asn Arg  Ser Pro Leu Pro Ile  Ala Lys Val Ser Ser  Phe Pro Ser
    1385                 1390                 1395

Ile Arg  Pro Ile Tyr Leu Thr  Arg Val Leu Phe Gln  Asp Asn Ser
    1400                 1405                 1410
Ser His  Leu Pro Ala Ala Ser  Tyr Arg Lys Lys Asp  Ser Gly Val
    1415                 1420                 1425
Gln Glu  Ser Ser His Phe Leu  Gln Gly Ala Lys Lys  Asn Asn Leu
    1430                 1435                 1440
Ser Leu  Ala Ile Leu Thr Leu  Glu Met Thr Gly Asp  Gln Arg Glu
    1445                 1450                 1455

Val Gly  Ser Leu Gly Thr Ser  Ala Thr Asn Ser Val  Thr Tyr Lys
    1460                 1465                 1470
Lys Val  Glu Asn Thr Val Leu  Pro Lys Pro Asp Leu  Pro Lys Thr
    1475                 1480                 1485
Ser Gly  Lys Val Glu Leu Leu  Pro Lys Val His Ile  Tyr Gln Lys
    1490                 1495                 1500
Asp Leu  Phe Pro Thr Glu Thr  Ser Asn Gly Ser Pro  Gly His Leu
    1505                 1510                 1515

Asp Leu  Val Glu Gly Ser Leu  Leu Gln Gly Thr Glu  Gly Ala Ile
    1520                 1525                 1530
Lys Trp  Asn Glu Ala Asn Arg  Pro Gly Lys Val Pro  Phe Leu Arg
    1535                 1540                 1545
Val Ala  Thr Glu Ser Ser Ala  Lys Thr Pro Ser Lys  Leu Leu Asp
    1550                 1555                 1560
Pro Leu  Ala Trp Asp Asn His  Tyr Gly Thr Gln Ile  Pro Lys Glu
    1565                 1570                 1575

Glu Trp  Lys Ser Gln Glu Lys  Ser Pro Glu Lys Thr  Ala Phe Lys
```

1580 1585 1590

Lys Lys Asp Thr Ile Leu Ser Leu Asn Ala Cys Glu Ser Asn His

1595 1600 1605

Ala Ile Ala Ala Ile Asn Glu Gly Gln Asn Lys Pro Glu Ile Glu

1610 1615 1620

Val Thr Trp Ala Lys Gln Gly Arg Thr Glu Arg Leu Cys Ser Gln

1625 1630 1635

Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Gly Pro

1640 1645 1650

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1655 1660 1665

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1670 1675 1680

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1685 1690 1695

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1700 1705 1710

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1715 1720 1725

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1745 1750 1755

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1760 1765 1770

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1805 1810 1815

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1820 1825 1830
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1835 1840 1845
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1850 1855 1860
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1865 1870 1875

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1880 1885 1890
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1895 1900 1905
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1910 1915 1920
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1925 1930 1935

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1940 1945 1950
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
1955 1960 1965
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1970 1975 1980
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1985 1990 1995

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
2000 2005 2010
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
2015 2020 2025
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
2030 2035 2040
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

2045 2050 2055

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
2060 2065 2070
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
2075 2080 2085
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
2090 2095 2100
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
2105 2110 2115

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
2120 2125 2130
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
2135 2140 2145
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
2150 2155 2160
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
2165 2170 2175

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
2180 2185 2190
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
2195 2200 2205
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
2210 2215 2220
Ser Ser Thr Gly Ser Ser Gly Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln
2225 2230 2235

Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys
2240 2245 2250
Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg
2255 2260 2265
Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu
2270 2275 2280

```
Arg Leu  Trp Asp Tyr Gly Met  Ser Ser Ser Pro His  Val Leu Arg
    2285                 2290                 2295

Asn Arg  Ala Gln Ser Gly Ser  Val Pro Gln Phe Lys  Lys Val Val
    2300                 2305                 2310
Phe Gln  Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg
    2315                 2320                 2325
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    2330                 2335                 2340
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    2345                 2350                 2355

Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    2360                 2365                 2370
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Gly
    2375                 2380                 2385
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    2390                 2395                 2400
Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Thr  Pro Gly Ser Gly Thr  Ala Ser Ser
    2405                 2410                 2415

Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly
    2420                 2425                 2430
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Pro
    2435                 2440                 2445
Ser Ala  Ser Thr Gly Thr Gly  Pro Gly Ser Ser Pro  Ser Ala Ser
    2450                 2455                 2460
Thr Gly  Thr Gly Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    2465                 2470                 2475

Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    2480                 2485                 2490
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ser Ser Pro
    2495                 2500                 2505
Ser Ala  Ser Thr Gly Thr Gly  Pro Gly Ser Ser Pro  Ser Ala Ser
```

2510 2515 2520

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Pro Asn Glu Thr Lys

2525 2530 2535

Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp

2540 2545 2550

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu

2555 2560 2565

Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys

2570 2575 2580

His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val

2585 2590 2595

Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser

2600 2605 2610

Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys

2615 2620 2625

Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe

2630 2635 2640

His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val

2645 2650 2655

Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly

2660 2665 2670

Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe

2675 2680 2685

Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu

2690 2695 2700

Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala

2705 2710 2715

Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala

2720 2725 2730

Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr

2735 2740 2745

Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr
2750 2755 2760
Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu
2765 2770 2775

His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe
2780 2785 2790
Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly
2795 2800 2805
Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Gly Pro Gly Ala Ser
2810 2815 2820
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
2825 2830 2835

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
2840 2845 2850
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
2855 2860 2865
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
2870 2875 2880
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
2885 2890 2895

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
2900 2905 2910
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
2915 2920 2925
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
2930 2935 2940
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
2945 2950 2955

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
2960 2965 2970
Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

2975 2980 2985

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

2990 2995 3000

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

3005 3010 3015

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

3020 3025 3030

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

3035 3040 3045

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

3050 3055 3060

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

3065 3070 3075

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

3080 3085 3090

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly

3095 3100 3105

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp

3110 3115 3120

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu

3125 3130 3135

Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn

3140 3145 3150

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

3155 3160 3165

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

3170 3175 3180

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

3185 3190 3195

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

3200 3205 3210

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln
3215 3220 3225
Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu
3230 3235 3240
Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val
3245 3250 3255

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys
3260 3265 3270
Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu
3275 3280 3285
Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp
3290 3295 3300
Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr
3305 3310 3315

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala
3320 3325 3330
Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
3335 3340 3345

<210> 1544
<211> 1614
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1544
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Gly Gly Ala Pro
20 25 30
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
35 40 45
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

```
    50                  55                  60
Ser Pro Gly Pro Ser Gly Pro Gly Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys
65                  70                  75                  80

Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val
                85                  90                  95
Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp
            100                 105                 110
Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val
        115                 120                 125
Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala
    130                 135                 140

Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp
145                 150                 155                 160
Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Gly Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
                165                 170                 175
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
            180                 185                 190
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
        195                 200                 205

Ala Ser Pro Gly Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr
    210                 215                 220
Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu
225                 230                 235                 240
Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu
                245                 250                 255
Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu
            260                 265                 270

Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala
        275                 280                 285
Val Phe Asp Glu Gly Gly Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
    290                 295                 300
```

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
305 310 315 320
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
325 330 335

Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg
340 345 350
Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly
355 360 365
Tyr Val Asn Ser Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser
370 375 380
Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser
385 390 395 400

Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala
405 410 415
Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu
420 425 430
Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln
435 440 445
His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu
450 455 460

Pro Gly Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
465 470 475 480
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
485 490 495
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Gly Gln Leu Arg
500 505 510
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
515 520 525

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
530 535 540
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

545 550 555 560

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

565 570 575

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

580 585 590

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

595 600 605

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

610 615 620

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

625 630 635 640

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

645 650 655

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

660 665 670

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

675 680 685

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

690 695 700

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

705 710 715 720

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

725 730 735

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

740 745 750

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

755 760 765

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

770 775 780

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

785 790 795 800

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
805 810 815

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
820 825 830

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
835 840 845

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
850 855 860

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
865 870 875 880

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
885 890 895

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
900 905 910

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
915 920 925

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
930 935 940

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
945 950 955 960

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
965 970 975

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
980 985 990

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
995 1000 1005

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly
1010 1015 1020

Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu
1025 1030 1035

Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile

1040 1045 1050

Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr

1055 1060 1065

Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu

1070 1075 1080

Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe

1085 1090 1095

Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp

1100 1105 1110

Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp

1115 1120 1125

Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn

1130 1135 1140

Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe

1145 1150 1155

Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe

1160 1165 1170

Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln

1175 1180 1185

Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile

1190 1195 1200

Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln

1205 1210 1215

Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu

1220 1225 1230

Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg

1235 1240 1245

Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly

1250 1255 1260

Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp

1265 1270 1275

```
Arg Val  Glu Cys Leu Ile Gly  Glu His Leu His Ala  Gly Met Ser
    1280                 1285                 1290
Thr Leu  Phe Leu Val Tyr Ser  Asn Lys Cys Gln Thr  Pro Leu Gly
    1295                 1300                 1305
Met Ala  Ser Gly His Ile Arg  Asp Phe Gln Ile Thr  Ala Ser Gly
    1310                 1315                 1320
Gln Tyr  Gly Gln Trp Ala Pro  Lys Leu Ala Arg Leu  His Tyr Ser
    1325                 1330                 1335

Gly Ser  Ile Asn Ala Trp Ser  Thr Lys Glu Pro Phe  Ser Trp Ile
    1340                 1345                 1350
Lys Val  Asp Leu Leu Ala Pro  Met Ile Ile His Gly  Ile Lys Thr
    1355                 1360                 1365
Gln Gly  Ala Arg Gln Lys Phe  Ser Ser Leu Tyr Ile  Ser Gln Phe
    1370                 1375                 1380
Ile Ile  Met Tyr Ser Leu Asp  Gly Lys Lys Trp Gln  Thr Tyr Arg
    1385                 1390                 1395

Gly Asn  Ser Thr Gly Thr Leu  Met Val Phe Phe Gly  Asn Val Asp
    1400                 1405                 1410
Ser Ser  Gly Ile Lys His Asn  Ile Phe Asn Pro Pro  Ile Ile Ala
    1415                 1420                 1425
Arg Tyr  Ile Arg Leu His Pro  Thr His Tyr Ser Ile  Arg Ser Thr
    1430                 1435                 1440
Leu Arg  Met Glu Leu Met Gly  Cys Asp Leu Asn Ser  Cys Ser Met
    1445                 1450                 1455

Pro Leu  Gly Met Glu Ser Lys  Ala Ile Ser Asp Ala  Gln Ile Thr
    1460                 1465                 1470
Ala Ser  Ser Tyr Phe Thr Asn  Met Phe Ala Thr Trp  Thr Pro Ser
    1475                 1480                 1485
Lys Ala  Arg Leu His Leu Gln  Gly Arg Ser Asn Ala  Trp Arg Pro
    1490                 1495                 1500
Gln Val  Asn Asn Pro Lys Glu  Trp Leu Gln Val Asp  Phe Gln Lys
```

1505 1510 1515

Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu
1520 1525 1530
Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln
1535 1540 1545
Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys
1550 1555 1560
Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser
1565 1570 1575

Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln
1580 1585 1590
Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys
1595 1600 1605
Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1610

<210> 1545
<211> 2914
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1545

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr

340 345 350

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

355 360 365

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

370 375 380

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

385 390 395 400

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

405 410 415

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

420 425 430

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

435 440 445

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

450 455 460

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr

465 470 475 480

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Tyr Asp Asp Asp Leu

485 490 495

Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro

500 505 510

Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp

515 520 525

Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu

530 535 540

Val Leu Ala Pro Asp Asp Gly Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

545 550 555 560

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

565 570 575

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser

580 585 590

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

595 600 605

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly

610 615 620

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro

625 630 635 640

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser

645 650 655

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly

660 665 670

Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser

675 680 685

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu

690 695 700

Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe

705 710 715 720

Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His

725 730 735

Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr

740 745 750

Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr

755 760 765

Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro

770 775 780

Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile

785 790 795 800

Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser

805 810 815

```
Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu
            820                 825                 830
Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys

        835                 840                 845
Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn
    850                 855                 860
Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr
865                 870                 875                 880
Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu
                885                 890                 895
Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr

            900                 905                 910
Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr
        915                 920                 925
Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe
    930                 935                 940
Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu
945                 950                 955                 960
Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn

                965                 970                 975
Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg
            980                 985                 990
Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val  Ser Ser Cys Asp Lys  Asn Thr Gly
        995                 1000                1005
Asp Tyr  Tyr Glu Asp Ser Tyr  Glu Asp Ile Ser Ala  Tyr Leu Leu
    1010                1015                1020
Ser Lys  Asn Asn Ala Ile Glu  Pro Arg Ser Phe Ser  Gln Asn Ser

    1025                1030                1035
Arg His  Pro Ser Thr Arg Gln  Lys Gln Phe Asn Ala  Thr Thr Ile
    1040                1045                1050
Pro Glu  Asn Asp Ile Glu Lys  Thr Asp Pro Trp Phe  Ala His Arg
```

1055 1060 1065

Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn Val Ser Ser Ser Asp Leu Leu

1070 1075 1080

Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro His Gly Leu Ser Leu Ser

1085 1090 1095

Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe Ser Asp Asp Pro Ser

1100 1105 1110

Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser Glu Met Thr His

1115 1120 1125

Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val Phe Thr Pro

1130 1135 1140

Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu Gly Thr Thr

1145 1150 1155

Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val Ser Ser Thr

1160 1165 1170

Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn Leu Ala Ala

1175 1180 1185

Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser Met Pro Val

1190 1195 1200

His Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys Ser

1205 1210 1215

Ser Pro Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu

1220 1225 1230

Asn Asn Asp Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln

1235 1240 1245

Glu Ser Ser Trp Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg

1250 1255 1260

Leu Phe Lys Gly Lys Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys

1265 1270 1275

Asp Asn Ala Leu Phe Lys Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr Asn

1280 1285 1290

```
Lys Thr  Ser Asn Asn Ser Ala  Thr Asn Arg Lys Thr  His Ile Asp
    1295                1300                1305
Gly Pro  Ser Leu Leu Ile Glu  Asn Ser Pro Ser Val  Trp Gln Asn
    1310                1315                1320
Ile Leu  Glu Ser Asp Thr Glu  Phe Lys Lys Val Thr  Pro Leu Ile

    1325                1330                1335
His Asp  Arg Met Leu Met Asp  Lys Asn Ala Thr Ala  Leu Arg Leu
    1340                1345                1350
Asn His  Met Ser Asn Lys Thr  Thr Ser Ser Lys Asn  Met Glu Met
    1355                1360                1365
Val Gln  Gln Lys Lys Glu Gly  Pro Ile Pro Pro Asp  Ala Gln Asn
    1370                1375                1380
Pro Asp  Met Ser Phe Phe Lys  Met Leu Phe Leu Pro  Glu Ser Ala

    1385                1390                1395
Arg Trp  Ile Gln Arg Thr His  Gly Lys Asn Ser Leu  Asn Ser Gly
    1400                1405                1410
Gln Gly  Pro Ser Pro Lys Gln  Leu Val Ser Leu Gly  Pro Glu Lys
    1415                1420                1425
Ser Val  Glu Gly Gln Asn Phe  Leu Ser Glu Lys Asn  Lys Val Val
    1430                1435                1440
Val Gly  Lys Gly Glu Phe Thr  Lys Asp Val Gly Leu  Lys Glu Met

    1445                1450                1455
Val Phe  Pro Ser Ser Arg Asn  Leu Phe Leu Thr Asn  Leu Asp Asn
    1460                1465                1470
Leu His  Glu Asn Asn Thr His  Asn Gln Glu Lys Lys  Ile Gln Glu
    1475                1480                1485
Glu Ile  Glu Lys Lys Glu Thr  Leu Ile Gln Glu Asn  Val Val Leu
    1490                1495                1500
Pro Gln  Ile His Thr Val Thr  Gly Thr Lys Asn Phe  Met Lys Asn

    1505                1510                1515
Leu Phe  Leu Leu Ser Thr Arg  Gln Asn Val Glu Gly  Ser Tyr Asp
```

1520 1525 1530

Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp

1535 1540 1545

Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys His Thr Ala His Phe Ser Lys Lys

1550 1555 1560

Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln

1565 1570 1575

Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr

1580 1585 1590

Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys

1595 1600 1605

Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu Glu Thr Glu Leu Glu Lys Arg Ile

1610 1615 1620

Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His

1625 1630 1635

Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr Gln Ile Asp Tyr Asn Glu Lys Glu

1640 1645 1650

Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys Leu Thr Arg

1655 1660 1665

Ser His Ser Ile Pro Gln Ala Asn Arg Ser Pro Leu Pro Ile Ala

1670 1675 1680

Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser Ile Arg Pro Ile Tyr Leu Thr Arg

1685 1690 1695

Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser Ser His Leu Pro Ala Ala Ser Tyr

1700 1705 1710

Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val Gln Glu Ser Ser His Phe Leu Gln

1715 1720 1725

Gly Ala Lys Lys Asn Asn Leu Ser Leu Ala Ile Leu Thr Leu Glu

1730 1735 1740

Met Thr Gly Asp Gln Arg Glu Val Gly Ser Leu Gly Thr Ser Ala

1745 1750 1755

Thr Asn Ser Val Thr Tyr Lys Lys Val Glu Asn Thr Val Leu Pro

1760 1765 1770

Lys Pro Asp Leu Pro Lys Thr Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Pro

1775 1780 1785

Lys Val His Ile Tyr Gln Lys Asp Leu Phe Pro Thr Glu Thr Ser

1790 1795 1800

Asn Gly Ser Pro Gly His Leu Asp Leu Val Glu Gly Ser Leu Leu

1805 1810 1815

Gln Gly Thr Glu Gly Ala Ile Lys Trp Asn Glu Ala Asn Arg Pro

1820 1825 1830

Gly Lys Val Pro Phe Leu Arg Val Ala Thr Glu Ser Ser Ala Lys

1835 1840 1845

Thr Pro Ser Lys Leu Leu Asp Pro Leu Ala Trp Asp Asn His Tyr

1850 1855 1860

Gly Thr Gln Ile Pro Lys Glu Glu Trp Lys Ser Gln Glu Lys Ser

1865 1870 1875

Pro Glu Lys Thr Ala Phe Lys Lys Lys Asp Thr Ile Leu Ser Leu

1880 1885 1890

Asn Ala Cys Glu Ser Asn His Ala Ile Ala Ala Ile Asn Glu Gly

1895 1900 1905

Gln Asn Lys Pro Glu Ile Glu Val Thr Trp Ala Lys Gln Gly Arg

1910 1915 1920

Thr Glu Arg Leu Cys Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

1925 1930 1935

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu

1940 1945 1950

Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp

1955 1960 1965

Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe

1970 1975 1980

Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu

1985 1990 1995

Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg

2000 2005 2010

Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln

2015 2020 2025

Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu

2030 2035 2040

Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu

2045 2050 2055

Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg

2060 2065 2070

Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

2075 2080 2085

Arg Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2090 2095 2100

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

2105 2110 2115

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2120 2125 2130

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2135 2140 2145

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2150 2155 2160

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

2165 2170 2175

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2180 2185 2190

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2195 2200 2205

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2210 2215 2220

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

2225 2230 2235

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2240 2245 2250

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2255 2260 2265

Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2270 2275 2280

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

2285 2290 2295

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2300 2305 2310

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2315 2320 2325

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2330 2335 2340

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

2345 2350 2355

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2360 2365 2370

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

2375 2380 2385

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His

2390 2395 2400

His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala

2405 2410 2415

Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu

2420 2425 2430

Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala

2435 2440 2445

His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr

2450 2455 2460

Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu

2465 2470 2475

Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr

2480 2485 2490

Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met

2495 2500 2505

Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg

2510 2515 2520

Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile

2525 2530 2535

His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr

2540 2545 2550

Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val

2555 2560 2565

Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu

2570 2575 2580

Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val

2585 2590 2595

Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His

2600 2605 2610

Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp

2615 2620 2625

Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala

2630 2635 2640

Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu

2645 2650 2655

Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln

2660 2665 2670

Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser

2675 2680 2685

```
Leu Asp  Gly Lys Lys Trp Gln  Thr Tyr Arg Gly Asn  Ser Thr Gly
    2690                 2695                 2700
Thr Leu  Met Val Phe Phe Gly  Asn Val Asp Ser Ser  Gly Ile Lys


    2705                 2710                 2715
His Asn  Ile Phe Asn Pro Pro  Ile Ile Ala Arg Tyr  Ile Arg Leu
    2720                 2725                 2730
His Pro  Thr His Tyr Ser Ile  Arg Ser Thr Leu Arg  Met Glu Leu
    2735                 2740                 2745
Met Gly  Cys Asp Leu Asn Ser  Cys Ser Met Pro Leu  Gly Met Glu
    2750                 2755                 2760
Ser Lys  Ala Ile Ser Asp Ala  Gln Ile Thr Ala Ser  Ser Tyr Phe


    2765                 2770                 2775
Thr Asn  Met Phe Ala Thr Trp  Ser Pro Ser Lys Ala  Arg Leu His
    2780                 2785                 2790
Leu Gln  Gly Arg Ser Asn Ala  Trp Arg Pro Gln Val  Asn Asn Pro
    2795                 2800                 2805
Lys Glu  Trp Leu Gln Val Asp  Phe Gln Lys Thr Met  Lys Val Thr
    2810                 2815                 2820
Gly Val  Thr Thr Gln Gly Val  Lys Ser Leu Leu Thr  Ser Met Tyr


    2825                 2830                 2835
Val Lys  Glu Phe Leu Ile Ser  Ser Ser Gln Asp Gly  His Gln Trp
    2840                 2845                 2850
Thr Leu  Phe Phe Gln Asn Gly  Lys Val Lys Val Phe  Gln Gly Asn
    2855                 2860                 2865
Gln Asp  Ser Phe Thr Pro Val  Val Asn Ser Leu Asp  Pro Pro Leu
    2870                 2875                 2880
Leu Thr  Arg Tyr Leu Arg Ile  His Pro Gln Ser Trp  Val His Gln


    2885                 2890                 2895
Ile Ala  Leu Arg Met Glu Val  Leu Gly Cys Glu Ala  Gln Asp Leu
    2900                 2905                 2910
Tyr
```

<210> 1546

<211> 2304

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1546

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

```
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

                405                 410                 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
            420                 425                 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
```

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser
740 745 750
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
755 760 765
Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser
770 775 780
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

785 790 795 800
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
805 810 815
Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
820 825 830
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
835 840 845
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

850 855 860
Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
865 870 875 880
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
885 890 895
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
900 905 910
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr

915 920 925
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

930 935 940

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

945 950 955 960

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

965 970 975

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

980 985 990

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

995 1000 1005

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

1025 1030 1035

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1040 1045 1050

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1055 1060 1065

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1070 1075 1080

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1085 1090 1095

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1100 1105 1110

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1115 1120 1125

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1130 1135 1140

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1145 1150 1155

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1160 1165 1170

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1175 1180 1185

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1190 1195 1200

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1205 1210 1215

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1220 1225 1230

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1235 1240 1245

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1250 1255 1260

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1265 1270 1275

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1280 1285 1290

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1295 1300 1305

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1310 1315 1320

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1325 1330 1335

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1340 1345 1350

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1355 1360 1365

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1370 1375 1380

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1385 1390 1395

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1400 1405 1410

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1415 1420 1425

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1430 1435 1440

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1445 1450 1455

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1460 1465 1470

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1475 1480 1485

Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1490 1495 1500

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1505 1510 1515

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1520 1525 1530

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1535 1540 1545

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1550 1555 1560

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

1565 1570 1575

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1580 1585 1590

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1595 1600 1605

Ala Pro Gly Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr

1610 1615 1620

Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp

1625 1630 1635

Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp

1640 1645 1650

Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg

1655 1660 1665

His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met

1670 1675 1680

Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

1685 1690 1695

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly

1700 1705 1710

Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu

1715 1720 1725

Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile

1730 1735 1740

Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr

1745 1750 1755

Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu

1760 1765 1770

Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe

1775 1780 1785

Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp

1790 1795 1800

Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp

1805 1810 1815

Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn

1820 1825 1830

Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe

1835 1840 1845

Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe

1850 1855 1860

Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln

1865 1870 1875

Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile

1880 1885 1890

Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln

1895 1900 1905

Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu

1910 1915 1920

Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg

1925 1930 1935

Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly

1940 1945 1950

Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp

1955 1960 1965

Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser

1970 1975 1980

Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly

1985 1990 1995

Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly

2000 2005 2010

Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser

2015 2020 2025

Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile

2030 2035 2040

Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr

2045 2050 2055

Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe

2060 2065 2070

Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg

2075 2080 2085

Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp

2090 2095 2100

Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala

2105 2110 2115

Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr

2120 2125 2130

Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met

2135 2140 2145

Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr

2150 2155 2160

Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser

2165 2170 2175

Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro

2180 2185 2190

Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys

2195 2200 2205

Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu

2210 2215 2220

Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln

2225 2230 2235

Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys

2240 2245 2250

Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser

2255 2260 2265

Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln

2270 2275 2280

Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys

2285 2290 2295

Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

2300

<210> 1547

<211> 1728

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1547

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

```
465                 470                 475                 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
        675                 680                 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
    690                 695                 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705                 710                 715                 720
```

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala
740 745 750

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
755 760 765
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
770 775 780
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
785 790 795 800
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
805 810 815

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
820 825 830
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
835 840 845
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
850 855 860
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
865 870 875 880

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
885 890 895
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
900 905 910
Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
915 920 925
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
930 935 940

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
945 950 955 960
Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr

965 970 975

Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

980 985 990

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

995 1000 1005

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1010 1015 1020

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Pro Pro Val

1025 1030 1035

Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser

1040 1045 1050

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

1055 1060 1065

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser

1070 1075 1080

Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala

1085 1090 1095

Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val

1100 1105 1110

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

1115 1120 1125

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

1130 1135 1140

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr

1145 1150 1155

Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

1160 1165 1170

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr

1175 1180 1185

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val

1190 1195 1200

```
Lys Pro  Asn Glu Thr Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His
    1205                 1210                 1215
Met Ala  Pro Thr Lys Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr
    1220                 1225                 1230
Phe Ser  Asp Val Asp Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile
    1235                 1240                 1245

Gly Pro  Leu Leu Val Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His
    1250                 1255                 1260
Gly Arg  Gln Val Thr Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile
    1265                 1270                 1275
Phe Asp  Glu Thr Lys Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg
    1280                 1285                 1290
Asn Cys  Arg Ala Pro Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe
    1295                 1300                 1305

Lys Glu  Asn Tyr Arg Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp
    1310                 1315                 1320
Thr Leu  Pro Gly Leu Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp
    1325                 1330                 1335
Tyr Leu  Leu Ser Met Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His
    1340                 1345                 1350
Phe Ser  Gly His Val Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys
    1355                 1360                 1365

Met Ala  Leu Tyr Asn Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu
    1370                 1375                 1380
Met Leu  Pro Ser Lys Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile
    1385                 1390                 1395
Gly Glu  His Leu His Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr
    1400                 1405                 1410
Ser Asn  Lys Cys Gln Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile
    1415                 1420                 1425

Arg Asp  Phe Gln Ile Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala
```

1430 1435 1440

Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp

1445 1450 1455

Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala

1460 1465 1470

Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys

1475 1480 1485

Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu

1490 1495 1500

Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr

1505 1510 1515

Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His

1520 1525 1530

Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His

1535 1540 1545

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met

1550 1555 1560

Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser

1565 1570 1575

Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr

1580 1585 1590

Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu

1595 1600 1605

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1610 1615 1620

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1625 1630 1635

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1640 1645 1650

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1655 1660 1665

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln
1670 1675 1680
Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu
1685 1690 1695
Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile
1700 1705 1710
Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1715 1720 1725

<210> 1548
<211> 1728
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1548
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

755 760 765

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

785 790 795 800

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

820 825 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

835 840 845

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

850 855 860

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

865 870 875 880

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
885 890 895

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
900 905 910

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu
915 920 925

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
930 935 940

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
945 950 955 960

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
965 970 975

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
980 985 990

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
995 1000 1005

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1010 1015 1020

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Gln Asn Pro Pro Val
1025 1030 1035

Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser
1040 1045 1050

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
1055 1060 1065

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser
1070 1075 1080

Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala
1085 1090 1095

Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val
1100 1105 1110

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

1115 1120 1125

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu
1130 1135 1140
Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr
1145 1150 1155
Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn
1160 1165 1170
Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr
1175 1180 1185

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val
1190 1195 1200
Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
1205 1210 1215
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr
1220 1225 1230
Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile
1235 1240 1245

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His
1250 1255 1260
Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile
1265 1270 1275
Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg
1280 1285 1290
Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe
1295 1300 1305

Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp
1310 1315 1320
Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp
1325 1330 1335
Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His
1340 1345 1350

Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys
1355 1360 1365

Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu
1370 1375 1380
Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile
1385 1390 1395
Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr
1400 1405 1410
Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile
1415 1420 1425

Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala
1430 1435 1440
Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp
1445 1450 1455
Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala
1460 1465 1470
Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys
1475 1480 1485

Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu
1490 1495 1500
Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr
1505 1510 1515
Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His
1520 1525 1530
Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His
1535 1540 1545

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met
1550 1555 1560
Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser
1565 1570 1575
Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr

1580 1585 1590

Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu

1595 1600 1605

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1610 1615 1620

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1625 1630 1635

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1640 1645 1650

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1655 1660 1665

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln

1670 1675 1680

Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu

1685 1690 1695

Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile

1700 1705 1710

Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1715 1720 1725

<210> 1549

<211> 2046

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1549

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

```
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
                405                 410                 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
            420                 425                 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
        435                 440                 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
    450                 455                 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465                 470                 475                 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
```

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

740 745 750

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

755 760 765

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

770 775 780

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
785 790 795 800
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
805 810 815

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
820 825 830
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
835 840 845
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
850 855 860
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
865 870 875 880

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
885 890 895
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
900 905 910
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
915 920 925
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
965 970 975
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
995 1000 1005

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Pro Pro Val

1025 1030 1035

Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser

1040 1045 1050

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

1055 1060 1065

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser

1070 1075 1080

Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala

1085 1090 1095

Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val

1100 1105 1110

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

1115 1120 1125

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

1130 1135 1140

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr

1145 1150 1155

Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

1160 1165 1170

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr

1175 1180 1185

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val

1190 1195 1200

Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

1205 1210 1215

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr

1220 1225 1230

Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile

1235 1240 1245

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

1250 1255 1260

```
Gly Arg  Gln Val Thr Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile
    1265                 1270                 1275
Phe Asp  Glu Thr Lys Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg
    1280                 1285                 1290
Asn Cys  Arg Ala Pro Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe
    1295                 1300                 1305

Lys Glu  Asn Tyr Arg Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp
    1310                 1315                 1320
Thr Leu  Pro Gly Leu Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp
    1325                 1330                 1335
Tyr Leu  Leu Ser Met Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His
    1340                 1345                 1350
Phe Ser  Gly His Val Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys
    1355                 1360                 1365

Met Ala  Leu Tyr Asn Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu
    1370                 1375                 1380
Met Leu  Pro Ser Lys Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile
    1385                 1390                 1395
Gly Glu  His Leu His Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr
    1400                 1405                 1410
Ser Asn  Lys Cys Gln Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile
    1415                 1420                 1425

Arg Asp  Phe Gln Ile Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala
    1430                 1435                 1440
Pro Lys  Leu Ala Arg Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp
    1445                 1450                 1455
Ser Thr  Lys Glu Pro Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala
    1460                 1465                 1470
Pro Met  Ile Ile His Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys
    1475                 1480                 1485

Phe Ser  Ser Leu Tyr Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu
```

1490 1495 1500

Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr

1505 1510 1515

Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His

1520 1525 1530

Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His

1535 1540 1545

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met

1550 1555 1560

Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser

1565 1570 1575

Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr

1580 1585 1590

Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu

1595 1600 1605

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1610 1615 1620

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1625 1630 1635

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1640 1645 1650

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1655 1660 1665

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln

1670 1675 1680

Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu

1685 1690 1695

Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile

1700 1705 1710

Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1715 1720 1725

Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro
1730 1735 1740
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1745 1750 1755
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1760 1765 1770
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1775 1780 1785

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1790 1795 1800
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1805 1810 1815
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1820 1825 1830
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1835 1840 1845

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1850 1855 1860
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1865 1870 1875
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
1880 1885 1890
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1895 1900 1905

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1910 1915 1920
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1925 1930 1935
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1940 1945 1950
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

1955 1960 1965

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
1970 1975 1980
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1985 1990 1995
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
2000 2005 2010
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Ala
2015 2020 2025

Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro
2030 2035 2040
Ala Thr Gly
2045

<210> 1550
<211> 2046
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1550

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

740 745 750

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

755 760 765

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

770 775 780

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

785 790 795 800

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

805 810 815

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

820 825 830

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

835 840 845

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

850 855 860

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

865 870 875 880

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

885 890 895

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

900 905 910

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

915 920 925

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

930 935 940

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

945 950 955 960

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

965 970 975

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

980 985 990

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

995 1000 1005

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1010 1015 1020

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Gln Asn Pro Pro Val

1025 1030 1035

Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser

1040 1045 1050

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

1055 1060 1065

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser

1070 1075 1080

Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala

1085 1090 1095

Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val

1100 1105 1110

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

1115 1120 1125

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

1130 1135 1140

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr

1145 1150 1155

Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

1160 1165 1170

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr

1175 1180 1185

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val

1190 1195 1200

Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

1205 1210 1215

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr

1220 1225 1230

Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile

1235 1240 1245

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

1250 1255 1260

Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile

1265 1270 1275

Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg

1280 1285 1290

Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe

1295 1300 1305

Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp

1310 1315 1320

Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp

1325 1330 1335

Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His

1340 1345 1350

Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys

1355 1360 1365

Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu

1370 1375 1380

Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile

1385 1390 1395

Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr

1400 1405 1410

Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile

1415 1420 1425

Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala

1430 1435 1440

Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp

1445 1450 1455

Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala

1460 1465 1470

Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys

1475 1480 1485

Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu

1490 1495 1500

Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr

1505 1510 1515

Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His

1520 1525 1530

Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His

1535 1540 1545

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met

1550 1555 1560

Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser

1565 1570 1575

Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr

1580 1585 1590

Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu

1595 1600 1605

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1610 1615 1620

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1625 1630 1635

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1640 1645 1650

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1655 1660 1665

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln

1670 1675 1680

Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu

1685 1690 1695

Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile

1700 1705 1710

Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1715 1720 1725

Gly Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro

1730 1735 1740

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1745 1750 1755

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1760 1765 1770

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1775 1780 1785
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1790 1795 1800
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1805 1810 1815
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1820 1825 1830
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1835 1840 1845
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1850 1855 1860
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1865 1870 1875
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

1880 1885 1890
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1895 1900 1905
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
1910 1915 1920
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1925 1930 1935
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1940 1945 1950
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1955 1960 1965
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
1970 1975 1980
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
1985 1990 1995
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2000 2005 2010

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Ala

2015 2020 2025

Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro

2030 2035 2040

Ala Thr Gly

2045

<210> 1551

<211> 2017

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1551

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala
740 745 750
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
755 760 765

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser
770 775 780
Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
785 790 795 800
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
805 810 815
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
820 825 830

Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
835 840 845
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
850 855 860
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser
865 870 875 880
Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

885 890 895

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
900 905 910
Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr
915 920 925
Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
930 935 940
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
945 950 955 960

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr
965 970 975
Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
980 985 990
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
995 1000 1005
Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1010 1015 1020

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Pro Pro Val
1025 1030 1035
Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser
1040 1045 1050
Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
1055 1060 1065
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser
1070 1075 1080

Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala
1085 1090 1095
Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val
1100 1105 1110
Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
1115 1120 1125

```
Val Val  Phe Gln Glu Phe Thr  Asp Gly Ser Phe Thr  Gln Pro Leu
    1130                 1135                 1140

Tyr Arg  Gly Glu Leu Asn Glu  His Leu Gly Leu Leu  Gly Pro Tyr
    1145                 1150                 1155
Ile Arg  Ala Glu Val Glu Asp  Asn Ile Met Val Thr  Phe Arg Asn
    1160                 1165                 1170
Gln Ala  Ser Arg Pro Tyr Ser  Phe Tyr Ser Ser Leu  Ile Ser Tyr
    1175                 1180                 1185
Glu Glu  Asp Gln Arg Gln Gly  Ala Glu Pro Arg Lys  Asn Phe Val
    1190                 1195                 1200

Lys Pro  Asn Glu Thr Lys Thr  Tyr Phe Trp Lys Val  Gln His His
    1205                 1210                 1215
Met Ala  Pro Thr Lys Asp Glu  Phe Asp Cys Lys Ala  Trp Ala Tyr
    1220                 1225                 1230
Phe Ser  Asp Val Asp Leu Glu  Lys Asp Val His Ser  Gly Leu Ile
    1235                 1240                 1245
Gly Pro  Leu Leu Val Cys His  Thr Asn Thr Leu Asn  Pro Ala His
    1250                 1255                 1260

Gly Arg  Gln Val Thr Val Gln  Glu Phe Ala Leu Phe  Phe Thr Ile
    1265                 1270                 1275
Phe Asp  Glu Thr Lys Ser Trp  Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg
    1280                 1285                 1290
Asn Cys  Arg Ala Pro Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe
    1295                 1300                 1305
Lys Glu  Asn Tyr Arg Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp
    1310                 1315                 1320

Thr Leu  Pro Gly Leu Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp
    1325                 1330                 1335
Tyr Leu  Leu Ser Met Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His
    1340                 1345                 1350
Phe Ser  Gly His Val Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys
```

```
    1355                1360                1365
Met Ala  Leu Tyr Asn Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu
    1370                1375                1380

Met Leu  Pro Ser Lys Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile
    1385                1390                1395
Gly Glu  His Leu His Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr
    1400                1405                1410
Ser Asn  Lys Cys Gln Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile
    1415                1420                1425
Arg Asp  Phe Gln Ile Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala
    1430                1435                1440

Pro Lys  Leu Ala Arg Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp
    1445                1450                1455
Ser Thr  Lys Glu Pro Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala
    1460                1465                1470
Pro Met  Ile Ile His Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys
    1475                1480                1485
Phe Ser  Ser Leu Tyr Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu
    1490                1495                1500

Asp Gly  Lys Lys Trp Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr
    1505                1510                1515
Leu Met  Val Phe Phe Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His
    1520                1525                1530
Asn Ile  Phe Asn Pro Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His
    1535                1540                1545
Pro Thr  His Tyr Ser Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met
    1550                1555                1560

Gly Cys  Asp Leu Asn Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser
    1565                1570                1575
Lys Ala  Ile Ser Asp Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr
    1580                1585                1590
```

```
Asn Met  Phe Ala Thr Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu
    1595                 1600                 1605
Gln Gly  Arg Ser Asn Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys
    1610                 1615                 1620

Glu Trp  Leu Gln Val Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly
    1625                 1630                 1635
Val Thr  Thr Gln Gly Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val
    1640                 1645                 1650
Lys Glu  Phe Leu Ile Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr
    1655                 1660                 1665
Leu Phe  Phe Gln Asn Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln
    1670                 1675                 1680

Asp Ser  Phe Thr Pro Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu
    1685                 1690                 1695
Thr Arg  Tyr Leu Arg Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile
    1700                 1705                 1710
Ala Leu  Arg Met Glu Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr
    1715                 1720                 1725
Gly Gly  Thr Ser Glu Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser
    1730                 1735                 1740

Glu Pro  Ala Thr Ser Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser
    1745                 1750                 1755
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
    1760                 1765                 1770
Ser Glu  Thr Pro Gly Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly
    1775                 1780                 1785
Pro Gly  Thr Ser Thr Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser
    1790                 1795                 1800

Pro Ala  Gly Ser Pro Thr Ser  Thr Glu Glu Gly Thr  Ser Glu Ser
    1805                 1810                 1815
Ala Thr  Pro Glu Ser Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly
```

1820 1825 1830

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1880 1885 1890

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1910 1915 1920

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1955 1960 1965

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1970 1975 1980

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1985 1990 1995

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2000 2005 2010

Gly Ser Ala Pro

2015

<210> 1552

<211> 2017

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1552

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

755 760 765

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

785 790 795 800

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

820 825 830

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

835 840 845

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

850 855 860

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

865 870 875 880

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

885 890 895

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

900 905 910

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

915 920 925

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

930 935 940

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

945 950 955 960

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

965 970 975

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

980 985 990

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

995 1000 1005

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1010 1015 1020

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Gln Asn Pro Pro Val

1025 1030 1035

Leu Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser

1040 1045 1050

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met

1055 1060 1065

Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser

1070 1075 1080

Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala

1085 1090 1095

Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val

1100 1105 1110

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

1115 1120 1125

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

1130 1135 1140

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr

1145 1150 1155

Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

1160 1165 1170

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr

1175 1180 1185

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val

1190 1195 1200

Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

1205 1210 1215

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr

1220 1225 1230

Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile

1235 1240 1245

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

1250 1255 1260

Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile

1265 1270 1275

Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg

1280 1285 1290

Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe

1295 1300 1305

Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp

1310 1315 1320

Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp

1325 1330 1335

Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His

1340 1345 1350

Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys

1355 1360 1365

Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu

1370 1375 1380

Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile

1385 1390 1395

Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr

1400 1405 1410

Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile

1415 1420 1425

Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala

1430 1435 1440

Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp

1445 1450 1455

Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala

1460 1465 1470

Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys

1475 1480 1485

Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu

1490 1495 1500

Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr

1505 1510 1515

Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His

1520 1525 1530

Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His

1535 1540 1545

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met

1550 1555 1560

Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser

1565 1570 1575

Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr

1580 1585 1590

Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu

1595 1600 1605

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1610 1615 1620

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1625 1630 1635

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1640 1645 1650

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1655 1660 1665

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln

1670 1675 1680

Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu

1685 1690 1695

Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile

1700 1705 1710

Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1715 1720 1725

Gly Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1730 1735 1740

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1745 1750 1755

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1760 1765 1770

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1790 1795 1800

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1805 1810 1815

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

1820 1825 1830

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1835 1840 1845

Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser

1850 1855 1860

Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

1865 1870 1875

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1880 1885 1890

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1910 1915 1920

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala

1925 1930 1935

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

1940 1945 1950

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala

1955 1960 1965

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser

1970 1975 1980

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

1985 1990 1995

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

2000 2005 2010

Gly Ser Ala Pro

2015

<210> 1553

<211> 2045

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1553

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

740 745 750

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

755 760 765

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

770 775 780

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

785 790 795 800

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

805 810 815

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
820 825 830
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
835 840 845

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
850 855 860
Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
865 870 875 880
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
885 890 895
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
900 905 910

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
915 920 925
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
930 935 940
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
945 950 955 960
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
965 970 975

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
980 985 990
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
995 1000 1005
Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1010 1015 1020
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Pro Val Leu
1025 1030 1035

Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp
1040 1045 1050
Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

1055 1060 1065

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

1070 1075 1080

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

1085 1090 1095

Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

1100 1105 1110

Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

1115 1120 1125

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

1130 1135 1140

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

1145 1150 1155

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln

1160 1165 1170

Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

1175 1180 1185

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

1190 1195 1200

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met

1205 1210 1215

Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

1220 1225 1230

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

1235 1240 1245

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

1250 1255 1260

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe

1265 1270 1275

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

1280 1285 1290

```
Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu Asp Pro  Thr Phe Lys
    1295                1300                1305
Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly Tyr Ile  Met Asp Thr
    1310                1315                1320
Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln Arg Ile  Arg Trp Tyr
    1325                1330                1335

Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile His Ser  Ile His Phe
    1340                1345                1350
Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys Glu Glu  Tyr Lys Met
    1355                1360                1365
Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe Glu Thr  Val Glu Met
    1370                1375                1380
Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val Glu Cys  Leu Ile Gly
    1385                1390                1395

Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu Phe Leu  Val Tyr Ser
    1400                1405                1410
Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala Ser Gly  His Ile Arg
    1415                1420                1425
Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr Gly Gln  Trp Ala Pro
    1430                1435                1440
Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser Ile Asn  Ala Trp Ser
    1445                1450                1455

Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val Asp Leu  Leu Ala Pro
    1460                1465                1470
Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly Ala Arg  Gln Lys Phe
    1475                1480                1485
Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile Met Tyr  Ser Leu Asp
    1490                1495                1500
Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn Ser Thr  Gly Thr Leu
    1505                1510                1515

Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser Gly Ile  Lys His Asn
```

1520 1525 1530

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

1535 1540 1545

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

1550 1555 1560

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

1565 1570 1575

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

1580 1585 1590

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

1595 1600 1605

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

1610 1615 1620

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

1625 1630 1635

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

1640 1645 1650

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

1655 1660 1665

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

1670 1675 1680

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

1685 1690 1695

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

1700 1705 1710

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly

1715 1720 1725

Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1730 1735 1740

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1745 1750 1755

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1760 1765 1770
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1775 1780 1785
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1790 1795 1800
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1805 1810 1815

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1820 1825 1830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1835 1840 1845
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
1850 1855 1860
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1865 1870 1875

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1880 1885 1890
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
1910 1915 1920
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1925 1930 1935

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1940 1945 1950
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1970 1975 1980
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1985 1990 1995

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
2000 2005 2010
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Ala Glu
2015 2020 2025
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala
2030 2035 2040
Thr Gly
2045

<210> 1554

<211> 2045

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1554

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
740 745 750

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
755 760 765

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
770 775 780

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
785 790 795 800

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
805 810 815

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
820 825 830

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
835 840 845

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
850 855 860

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser
865 870 875 880
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
885 890 895

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
900 905 910
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
915 920 925
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
930 935 940
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
945 950 955 960

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
965 970 975
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
980 985 990
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
995 1000 1005
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1010 1015 1020

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu
1025 1030 1035
Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp
1040 1045 1050
Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys
1055 1060 1065
Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro
1070 1075 1080

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val
1085 1090 1095
Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

1100 1105 1110

Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

1115 1120 1125

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

1130 1135 1140

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

1145 1150 1155

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln

1160 1165 1170

Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

1175 1180 1185

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

1190 1195 1200

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met

1205 1210 1215

Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

1220 1225 1230

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

1235 1240 1245

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

1250 1255 1260

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe

1265 1270 1275

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

1280 1285 1290

Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys

1295 1300 1305

Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr

1310 1315 1320

Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr

1325 1330 1335

```
Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile His Ser  Ile His Phe
    1340                1345                1350
Ser Gly  His Val Phe Thr Val  Arg Lys Lys Glu Glu  Tyr Lys Met
    1355                1360                1365
Ala Leu  Tyr Asn Leu Tyr Pro  Gly Val Phe Glu Thr  Val Glu Met
    1370                1375                1380

Leu Pro  Ser Lys Ala Gly Ile  Trp Arg Val Glu Cys  Leu Ile Gly
    1385                1390                1395
Glu His  Leu His Ala Gly Met  Ser Thr Leu Phe Leu  Val Tyr Ser
    1400                1405                1410
Asn Lys  Cys Gln Thr Pro Leu  Gly Met Ala Ser Gly  His Ile Arg
    1415                1420                1425
Asp Phe  Gln Ile Thr Ala Ser  Gly Gln Tyr Gly Gln  Trp Ala Pro
    1430                1435                1440

Lys Leu  Ala Arg Leu His Tyr  Ser Gly Ser Ile Asn  Ala Trp Ser
    1445                1450                1455
Thr Lys  Glu Pro Phe Ser Trp  Ile Lys Val Asp Leu  Leu Ala Pro
    1460                1465                1470
Met Ile  Ile His Gly Ile Lys  Thr Gln Gly Ala Arg  Gln Lys Phe
    1475                1480                1485
Ser Ser  Leu Tyr Ile Ser Gln  Phe Ile Ile Met Tyr  Ser Leu Asp
    1490                1495                1500

Gly Lys  Lys Trp Gln Thr Tyr  Arg Gly Asn Ser Thr  Gly Thr Leu
    1505                1510                1515
Met Val  Phe Phe Gly Asn Val  Asp Ser Ser Gly Ile  Lys His Asn
    1520                1525                1530
Ile Phe  Asn Pro Pro Ile Ile  Ala Arg Tyr Ile Arg  Leu His Pro
    1535                1540                1545
Thr His  Tyr Ser Ile Arg Ser  Thr Leu Arg Met Glu  Leu Met Gly
    1550                1555                1560

Cys Asp  Leu Asn Ser Cys Ser  Met Pro Leu Gly Met  Glu Ser Lys
```

1565 1570 1575

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

1580 1585 1590

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

1595 1600 1605

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

1610 1615 1620

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

1625 1630 1635

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

1640 1645 1650

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

1655 1660 1665

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

1670 1675 1680

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

1685 1690 1695

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

1700 1705 1710

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly

1715 1720 1725

Ala Gly Ser Pro Gly Ala Glu Thr Ala Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1730 1735 1740

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1745 1750 1755

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1760 1765 1770

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr

1775 1780 1785

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1790 1795 1800

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1805 1810 1815
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1820 1825 1830
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1835 1840 1845
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
1850 1855 1860

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1865 1870 1875
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1880 1885 1890
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1895 1900 1905
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser
1910 1915 1920

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1925 1930 1935
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1940 1945 1950
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser
1955 1960 1965
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1970 1975 1980

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1985 1990 1995
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
2000 2005 2010
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gly Ala Glu
2015 2020 2025
Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu Ser Pro Ala

2030 2035 2040

Thr Gly

2045

<210> 1555

<211> 2301

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1555

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15

Cys Phe Ser Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
20 25 30

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

35 40 45

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
50 55 60

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
85 90 95

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

100 105 110

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
115 120 125

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly
130 135 140

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
145 150 155 160

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

165 170 175

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser

180 185 190

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

195 200 205

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

210 215 220

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

225 230 235 240

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

245 250 255

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

260 265 270

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

275 280 285

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

290 295 300

Ser Ala Pro Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly Pro Glu Gly Pro Ser

305 310 315 320

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

325 330 335

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

340 345 350

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

355 360 365

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

370 375 380

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

385 390 395 400

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

405 410 415

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

420 425 430

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

435 440 445

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

450 455 460

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

465 470 475 480

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

485 490 495

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

500 505 510

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

515 520 525

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

530 535 540

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

545 550 555 560

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

565 570 575

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

580 585 590

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

595 600 605

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

610 615 620

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

625 630 635 640

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

645 650 655

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

660 665 670

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

675 680 685

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

690 695 700

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

705 710 715 720

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

725 730 735

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

740 745 750

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

755 760 765

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

770 775 780

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

785 790 795 800

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

805 810 815

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

820 825 830

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

835 840 845

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

850 855 860

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

865 870 875 880

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

885 890 895

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

900 905 910

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
915 920 925
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

930 935 940
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
945 950 955 960
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
965 970 975
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
980 985 990
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

995 1000 1005
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr
1010 1015 1020
Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr
1025 1030 1035
Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys
1040 1045 1050
Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Thr Ser

1055 1060 1065
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1070 1075 1080
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1085 1090 1095
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1100 1105 1110
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1115 1120 1125
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1130 1135 1140
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1145 1150 1155

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1160 1165 1170

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1175 1180 1185

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1190 1195 1200

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1205 1210 1215

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1220 1225 1230

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1235 1240 1245

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1250 1255 1260

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1265 1270 1275

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1280 1285 1290

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1295 1300 1305

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1310 1315 1320

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1325 1330 1335

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1340 1345 1350

Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

1355 1360 1365

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro

1370 1375 1380

```
His Val  Leu Arg Asn Arg Ala  Gln Ser Gly Ser Val  Pro Gln Phe
    1385                1390                1395
Lys Lys  Val Val Phe Gln Glu  Phe Thr Asp Gly Ser  Phe Thr Gln
    1400                1405                1410
Pro Leu  Tyr Arg Gly Glu Leu  Asn Glu His Leu Gly  Leu Leu Gly

    1415                1420                1425
Pro Tyr  Ile Arg Ala Glu Val  Glu Asp Asn Ile Met  Val Thr Phe
    1430                1435                1440
Arg Asn  Gln Ala Ser Arg Pro  Tyr Ser Phe Tyr Ser  Ser Leu Ile
    1445                1450                1455
Ser Tyr  Glu Glu Asp Gln Arg  Gln Gly Ala Glu Pro  Arg Lys Asn
    1460                1465                1470
Phe Val  Lys Pro Asn Glu Thr  Lys Thr Tyr Phe Trp  Lys Val Gln

    1475                1480                1485
His His  Met Ala Pro Thr Lys  Asp Glu Phe Asp Cys  Lys Ala Trp
    1490                1495                1500
Ala Tyr  Phe Ser Asp Val Asp  Leu Glu Lys Asp Val  His Ser Gly
    1505                1510                1515
Leu Ile  Gly Pro Leu Leu Val  Cys His Thr Asn Thr  Leu Asn Pro
    1520                1525                1530
Ala His  Gly Arg Gln Val Thr  Val Gln Glu Phe Ala  Leu Phe Phe

    1535                1540                1545
Thr Ile  Phe Asp Glu Thr Lys  Ser Trp Tyr Phe Thr  Glu Asn Met
    1550                1555                1560
Glu Arg  Asn Cys Arg Ala Pro  Cys Asn Ile Gln Met  Glu Asp Pro
    1565                1570                1575
Thr Phe  Lys Glu Asn Tyr Arg  Phe His Ala Ile Asn  Gly Tyr Ile
    1580                1585                1590
Met Asp  Thr Leu Pro Gly Leu  Val Met Ala Gln Asp  Gln Arg Ile

    1595                1600                1605
Arg Trp  Tyr Leu Leu Ser Met  Gly Ser Asn Glu Asn  Ile His Ser
```

1610 1615 1620

Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu

1625 1630 1635

Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr

1640 1645 1650

Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys

1655 1660 1665

Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu

1670 1675 1680

Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly

1685 1690 1695

His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln

1700 1705 1710

Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn

1715 1720 1725

Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu

1730 1735 1740

Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg

1745 1750 1755

Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr

1760 1765 1770

Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr

1775 1780 1785

Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile

1790 1795 1800

Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg

1805 1810 1815

Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu

1820 1825 1830

Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met

1835 1840 1845

Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr

1850 1855 1860

Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu

1865 1870 1875

His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn

1880 1885 1890

Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val

1895 1900 1905

Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met

1910 1915 1920

Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln

1925 1930 1935

Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly

1940 1945 1950

Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro

1955 1960 1965

Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His

1970 1975 1980

Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp

1985 1990 1995

Leu Tyr Gly Pro Glu Gly Pro Ser Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln

2000 2005 2010

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

2015 2020 2025

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2030 2035 2040

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

2045 2050 2055

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2060 2065 2070

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro

2075 2080 2085

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2090 2095 2100

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

2105 2110 2115

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2120 2125 2130

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

2135 2140 2145

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2150 2155 2160

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2165 2170 2175

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2180 2185 2190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

2195 2200 2205

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

2210 2215 2220

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

2225 2230 2235

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2240 2245 2250

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

2255 2260 2265

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2270 2275 2280

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2285 2290 2295

Ser Ala Pro

2300

<210> 1556

<211> 2876

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1556

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15
Cys Phe Ser Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
20 25 30
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
35 40 45
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
50 55 60

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
65 70 75 80
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
85 90 95
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
100 105 110
Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
115 120 125

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
130 135 140
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
145 150 155 160
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
165 170 175
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
180 185 190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

195 200 205

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

210 215 220

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

245 250 255

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

260 265 270

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

275 280 285

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

290 295 300

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

305 310 315 320

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

325 330 335

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

340 345 350

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

355 360 365

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

370 375 380

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

385 390 395 400

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

405 410 415

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

420 425 430

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

435 440 445

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
450 455 460
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
465 470 475 480
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
485 490 495
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
500 505 510

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
515 520 525
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
530 535 540
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
545 550 555 560
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
565 570 575

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
580 585 590
Ser Ala Pro Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly Pro Ser Gly Pro Ala
595 600 605
Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met
610 615 620
Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg
625 630 635 640

Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr
645 650 655
Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg
660 665 670
Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr
675 680 685
Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser

690 695 700

Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu
705 710 715 720
Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe
725 730 735
Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly
740 745 750
Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His
755 760 765

Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu
770 775 780
Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His
785 790 795 800
Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His
805 810 815
Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala
820 825 830

Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser
835 840 845
Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val
850 855 860
Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly
865 870 875 880
His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser
885 890 895

Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln
900 905 910
Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu
915 920 925
Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met
930 935 940

Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser
945 950 955 960

Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile
965 970 975
Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr
980 985 990
Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala
995 1000 1005
Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
1010 1015 1020

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr
1025 1030 1035
Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser
1040 1045 1050
Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu
1055 1060 1065
Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr
1070 1075 1080

Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu
1085 1090 1095
Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly
1100 1105 1110
Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro
1115 1120 1125
Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe
1130 1135 1140

Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu
1145 1150 1155
Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
1160 1165 1170
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu

1175 1180 1185

Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro

1190 1195 1200

Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser

1205 1210 1215

Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln

1220 1225 1230

Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser

1235 1240 1245

Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

1250 1255 1260

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe

1265 1270 1275

Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly

1280 1285 1290

Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly

1295 1300 1305

Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly

1310 1315 1320

Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu

1325 1330 1335

Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly

1340 1345 1350

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1355 1360 1365

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1370 1375 1380

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1385 1390 1395

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1400 1405 1410

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1415 1420 1425
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
1430 1435 1440

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1445 1450 1455
Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
1460 1465 1470
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
1475 1480 1485
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1490 1495 1500

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1505 1510 1515
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1520 1525 1530
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1535 1540 1545
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1550 1555 1560

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1565 1570 1575
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1580 1585 1590
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1595 1600 1605
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1610 1615 1620

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
1625 1630 1635
Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1640 1645 1650

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1655 1660 1665

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1670 1675 1680

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1685 1690 1695

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1700 1705 1710

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1715 1720 1725

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1730 1735 1740

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1745 1750 1755

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1760 1765 1770

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1775 1780 1785

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1790 1795 1800

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1805 1810 1815

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1835 1840 1845

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1850 1855 1860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1865 1870 1875

```
Glu Glu  Gly Ser Pro Ala Gly  Ser Pro Thr Ser Thr  Glu Glu Gly
    1880                 1885                 1890
Ser Pro  Ala Gly Ser Pro Thr  Ser Thr Glu Glu Gly  Thr Ser Glu
    1895                 1900                 1905
Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Thr Ser Thr  Glu Pro Ser
    1910                 1915                 1920

Glu Gly  Ser Ala Pro Gln Ser  Pro Arg Ser Phe Gln  Lys Lys Thr
    1925                 1930                 1935
Arg His  Tyr Phe Ile Ala Ala  Val Glu Arg Leu Trp  Asp Tyr Gly
    1940                 1945                 1950
Met Ser  Ser Ser Pro His Val  Leu Arg Asn Arg Ala  Gln Ser Gly
    1955                 1960                 1965
Ser Val  Pro Gln Phe Lys Lys  Val Val Phe Gln Glu  Phe Thr Asp
    1970                 1975                 1980

Gly Ser  Phe Thr Gln Pro Leu  Tyr Arg Gly Glu Leu  Asn Glu His
    1985                 1990                 1995
Leu Gly  Leu Leu Gly Pro Tyr  Ile Arg Ala Glu Val  Glu Asp Asn
    2000                 2005                 2010
Ile Met  Val Thr Phe Arg Asn  Gln Ala Ser Arg Pro  Tyr Ser Phe
    2015                 2020                 2025
Tyr Ser  Ser Leu Ile Ser Tyr  Glu Glu Asp Gln Arg  Gln Gly Ala
    2030                 2035                 2040

Glu Pro  Arg Lys Asn Phe Val  Lys Pro Asn Glu Thr  Lys Thr Tyr
    2045                 2050                 2055
Phe Trp  Lys Val Gln His His  Met Ala Pro Thr Lys  Asp Glu Phe
    2060                 2065                 2070
Asp Cys  Lys Ala Trp Ala Tyr  Phe Ser Asp Val Asp  Leu Glu Lys
    2075                 2080                 2085
Asp Val  His Ser Gly Leu Ile  Gly Pro Leu Leu Val  Cys His Thr
    2090                 2095                 2100

Asn Thr  Leu Asn Pro Ala His  Gly Arg Gln Val Thr  Val Gln Glu
```

2105 2110 2115

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

2120 2125 2130

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

2135 2140 2145

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

2150 2155 2160

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

2165 2170 2175

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

2180 2185 2190

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

2195 2200 2205

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

2210 2215 2220

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

2225 2230 2235

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

2240 2245 2250

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

2255 2260 2265

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

2270 2275 2280

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

2285 2290 2295

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

2300 2305 2310

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

2315 2320 2325

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

2330 2335 2340

```
Phe Ile  Ile Met Tyr Ser Leu  Asp Gly Lys Lys Trp  Gln Thr Tyr
    2345                2350                2355
Arg Gly  Asn Ser Thr Gly Thr  Leu Met Val Phe Phe  Gly Asn Val
    2360                2365                2370
Asp Ser  Ser Gly Ile Lys His  Asn Ile Phe Asn Pro  Pro Ile Ile
    2375                2380                2385
Ala Arg  Tyr Ile Arg Leu His  Pro Thr His Tyr Ser  Ile Arg Ser
    2390                2395                2400

Thr Leu  Arg Met Glu Leu Met  Gly Cys Asp Leu Asn  Ser Cys Ser
    2405                2410                2415
Met Pro  Leu Gly Met Glu Ser  Lys Ala Ile Ser Asp  Ala Gln Ile
    2420                2425                2430
Thr Ala  Ser Ser Tyr Phe Thr  Asn Met Phe Ala Thr  Trp Ser Pro
    2435                2440                2445
Ser Lys  Ala Arg Leu His Leu  Gln Gly Arg Ser Asn  Ala Trp Arg
    2450                2455                2460

Pro Gln  Val Asn Asn Pro Lys  Glu Trp Leu Gln Val  Asp Phe Gln
    2465                2470                2475
Lys Thr  Met Lys Val Thr Gly  Val Thr Thr Gln Gly  Val Lys Ser
    2480                2485                2490
Leu Leu  Thr Ser Met Tyr Val  Lys Glu Phe Leu Ile  Ser Ser Ser
    2495                2500                2505
Gln Asp  Gly His Gln Trp Thr  Leu Phe Phe Gln Asn  Gly Lys Val
    2510                2515                2520

Lys Val  Phe Gln Gly Asn Gln  Asp Ser Phe Thr Pro  Val Val Asn
    2525                2530                2535
Ser Leu  Asp Pro Pro Leu Leu  Thr Arg Tyr Leu Arg  Ile His Pro
    2540                2545                2550
Gln Ser  Trp Val His Gln Ile  Ala Leu Arg Met Glu  Val Leu Gly
    2555                2560                2565
Cys Glu  Ala Gln Asp Leu Tyr  Gly Pro Glu Gly Pro  Ser Gln Ser
```

2570 2575 2580

Pro Arg Ser Phe Gln Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2585 2590 2595
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2600 2605 2610
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
2615 2620 2625
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2630 2635 2640

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2645 2650 2655
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2660 2665 2670
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
2675 2680 2685
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2690 2695 2700

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2705 2710 2715
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2720 2725 2730
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2735 2740 2745
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2750 2755 2760

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2765 2770 2775
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2780 2785 2790
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
2795 2800 2805

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
2810 2815 2820

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2825 2830 2835
Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2840 2845 2850
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
2855 2860 2865
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
2870 2875

<210> 1557

<211> 2576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1557

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15
Cys Phe Ser Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser
20 25 30
Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg
35 40 45
Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val

50 55 60
Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile
65 70 75 80
Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln
85 90 95
Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser
100 105 110

His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser

115 120 125

Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp

130 135 140

Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu

145 150 155 160

Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser

165 170 175

Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile

180 185 190

Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr

195 200 205

Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly

210 215 220

Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp

225 230 235 240

Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr

245 250 255

Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val

260 265 270

Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile

275 280 285

Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser

290 295 300

Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met

305 310 315 320

Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His

325 330 335

Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro

340 345 350

Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp

355 360 365

Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser

370 375 380

Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr

385 390 395 400

Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro

405 410 415

Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

420 425 430

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met

435 440 445

Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu

450 455 460

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu

465 470 475 480

Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro

485 490 495

His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys

500 505 510

Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe

515 520 525

Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp

530 535 540

Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg

545 550 555 560

Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu

565 570 575

Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val

580 585 590

Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu

595 600 605

Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp
610 615 620
Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val

625 630 635 640
Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp
645 650 655
Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe
660 665 670
Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr
675 680 685
Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro

690 695 700
Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly
705 710 715 720
Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp
725 730 735
Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys
740 745 750
Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Ser Pro Ala

755 760 765
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
770 775 780
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
785 790 795 800
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
805 810 815
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

820 825 830
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
835 840 845
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

850 855 860

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

865 870 875 880

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

885 890 895

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

900 905 910

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

915 920 925

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

930 935 940

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

945 950 955 960

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

965 970 975

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

980 985 990

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr

995 1000 1005

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1010 1015 1020

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1025 1030 1035

Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1040 1045 1050

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1055 1060 1065

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1070 1075 1080

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1085 1090 1095

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1100 1105 1110

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1115 1120 1125

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1130 1135 1140

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1145 1150 1155

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1160 1165 1170

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

1175 1180 1185

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1190 1195 1200

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1205 1210 1215

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1220 1225 1230

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1235 1240 1245

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1250 1255 1260

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1265 1270 1275

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1280 1285 1290

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

1295 1300 1305

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1310 1315 1320

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1325 1330 1335

Ala Pro Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1340 1345 1350

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1355 1360 1365

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1370 1375 1380

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1385 1390 1395

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1400 1405 1410

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1415 1420 1425

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1430 1435 1440

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1445 1450 1455

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1460 1465 1470

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1475 1480 1485

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1490 1495 1500

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1505 1510 1515

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1520 1525 1530

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1535 1540 1545

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1550 1555 1560

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1565 1570 1575

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1580 1585 1590

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1595 1600 1605

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1610 1615 1620

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1625 1630 1635

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1640 1645 1650

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

1655 1660 1665

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala

1670 1675 1680

Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr

1685 1690 1695

Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

1700 1705 1710

Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val

1715 1720 1725

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly

1730 1735 1740

Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile

1745 1750 1755

Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

1760 1765 1770

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser

1775 1780 1785

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr

1790 1795 1800

Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg

1805 1810 1815

Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

1820 1825 1830

Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser

1835 1840 1845

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala

1850 1855 1860

Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val

1865 1870 1875

Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

1880 1885 1890

Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

1895 1900 1905

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

1910 1915 1920

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

1925 1930 1935

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

1940 1945 1950

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

1955 1960 1965

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

1970 1975 1980

Gln Asp Leu Tyr Gly Pro Glu Gly Pro Ser Gln Ser Pro Arg Ser

1985 1990 1995

Phe Gln Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2000 2005 2010

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2015 2020 2025

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2030 2035 2040

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2045 2050 2055

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2060 2065 2070

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2075 2080 2085

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2090 2095 2100

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2105 2110 2115

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2120 2125 2130

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

2135 2140 2145

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2150 2155 2160

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2165 2170 2175

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2180 2185 2190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2195 2200 2205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2210 2215 2220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

2225 2230 2235

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2240 2245 2250

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

2255 2260 2265

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2270 2275 2280

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2285 2290 2295

Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2300 2305 2310

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

2315 2320 2325

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2330 2335 2340

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2345 2350 2355

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2360 2365 2370

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

2375 2380 2385

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2390 2395 2400

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2405 2410 2415

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2420 2425 2430

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2435 2440 2445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2450 2455 2460

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

2465 2470 2475

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2480 2485 2490

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

2495 2500 2505

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2510 2515 2520

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2525 2530 2535

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2540 2545 2550

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2555 2560 2565

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2570 2575

<210> 1558

<211> 2576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1558

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

20 25 30

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

85 90 95

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

100 105 110

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
115 120 125
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
130 135 140
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
145 150 155 160
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
165 170 175

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
180 185 190
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
195 200 205
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
210 215 220
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
245 250 255
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
260 265 270
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
275 280 285
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
290 295 300

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
305 310 315 320
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
325 330 335
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
340 345 350

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
355 360 365

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
370 375 380
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
385 390 395 400
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
405 410 415
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
420 425 430

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
435 440 445
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
450 455 460
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
465 470 475 480
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
485 490 495

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
500 505 510
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
515 520 525
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
530 535 540
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
545 550 555 560

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
565 570 575
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
580 585 590
Ser Ala Pro Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly Pro Glu Gly Pro Ser

595 600 605

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

610 615 620

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

625 630 635 640

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

645 650 655

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

660 665 670

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

675 680 685

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

690 695 700

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

705 710 715 720

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

725 730 735

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

740 745 750

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

755 760 765

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

770 775 780

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

785 790 795 800

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

805 810 815

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

820 825 830

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

835 840 845

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
850 855 860
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
865 870 875 880

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
885 890 895
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
900 905 910
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
915 920 925
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
930 935 940

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
945 950 955 960
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
965 970 975
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
980 985 990
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
995 1000 1005

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly
1010 1015 1020
Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala
1025 1030 1035
Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu
1040 1045 1050
Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr
1055 1060 1065

Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile
1070 1075 1080
Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg

1085 1090 1095

Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro

1100 1105 1110

Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly

1115 1120 1125

Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser

1130 1135 1140

Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1145 1150 1155

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln

1160 1165 1170

Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp

1175 1180 1185

Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu

1190 1195 1200

Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala

1205 1210 1215

Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu

1220 1225 1230

Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

1235 1240 1245

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly

1250 1255 1260

Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu

1265 1270 1275

Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro

1280 1285 1290

Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg

1295 1300 1305

Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr

1310 1315 1320

Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu
1325 1330 1335
Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn
1340 1345 1350
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1355 1360 1365

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1370 1375 1380
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1385 1390 1395
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1400 1405 1410
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1415 1420 1425

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1430 1435 1440
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1445 1450 1455
Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1460 1465 1470
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1475 1480 1485

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1490 1495 1500
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1505 1510 1515
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1520 1525 1530
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1535 1540 1545

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1550 1555 1560

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1565 1570 1575

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1595 1600 1605

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1610 1615 1620

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1625 1630 1635

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1640 1645 1650

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1655 1660 1665

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1670 1675 1680

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1685 1690 1695

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1700 1705 1710

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1715 1720 1725

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1730 1735 1740

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1745 1750 1755

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1760 1765 1770

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1775 1780 1785

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1790 1795 1800
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1805 1810 1815
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1820 1825 1830
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1835 1840 1845

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1850 1855 1860
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1865 1870 1875
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1880 1885 1890
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1895 1900 1905

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1910 1915 1920
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
1925 1930 1935
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr
1940 1945 1950
Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser
1955 1960 1965

Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr
1970 1975 1980
Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu
1985 1990 1995
His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp
2000 2005 2010
Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser

2015 2020 2025

Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly
2030 2035 2040
Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr
2045 2050 2055
Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu
2060 2065 2070
Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
2075 2080 2085

Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His
2090 2095 2100
Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln
2105 2110 2115
Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp
2120 2125 2130
Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn
2135 2140 2145

Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His
2150 2155 2160
Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met
2165 2170 2175
Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser
2180 2185 2190
Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr
2195 2200 2205

Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr
2210 2215 2220
Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly
2225 2230 2235
Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly
2240 2245 2250

Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro
2255 2260 2265

Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala
2270 2275 2280
Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His
2285 2290 2295
Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser
2300 2305 2310
Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile
2315 2320 2325

Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser
2330 2335 2340
Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr
2345 2350 2355
Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn
2360 2365 2370
Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile
2375 2380 2385

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg
2390 2395 2400
Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys
2405 2410 2415
Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln
2420 2425 2430
Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser
2435 2440 2445

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp
2450 2455 2460
Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe
2465 2470 2475
Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys

2480 2485 2490

Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser

2495 2500 2505

Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys

2510 2515 2520

Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val

2525 2530 2535

Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His

2540 2545 2550

Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu

2555 2560 2565

Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

2570 2575

<210> 1559

<211> 2871

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1559

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

20 25 30

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

35 40 45

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

50 55 60

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

85 90 95

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

100 105 110

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

115 120 125

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

130 135 140

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

145 150 155 160

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

165 170 175

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu

180 185 190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

195 200 205

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

210 215 220

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

225 230 235 240

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

245 250 255

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

260 265 270

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

275 280 285

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

290 295 300

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

305 310 315 320

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala

325 330 335

Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

340 345 350

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

355 360 365

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

370 375 380

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

385 390 395 400

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

405 410 415

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

420 425 430

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

435 440 445

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

450 455 460

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser

465 470 475 480

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

485 490 495

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

500 505 510

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser

515 520 525

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

530 535 540

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

545 550 555 560

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

565 570 575

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

580 585 590

Ser Ala Pro Ile Glu Pro Arg Ser Pro Ser Gly Ser Pro Gly Ala Thr
595 600 605
Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln

610 615 620
Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val
625 630 635 640
Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu
645 650 655
Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro
660 665 670
Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp

675 680 685
Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu
690 695 700
His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr
705 710 715 720
Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro
725 730 735
Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro

740 745 750
Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val
755 760 765
Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val
770 775 780
Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys
785 790 795 800
Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser

805 810 815
Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg
820 825 830
Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu

835 840 845

Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile

850 855 860

Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His

865 870 875 880

Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro

885 890 895

Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe

900 905 910

Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala

915 920 925

Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys

930 935 940

Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu

945 950 955 960

Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln

965 970 975

Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile

980 985 990

Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro

995 1000 1005

Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln

1010 1015 1020

Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

1025 1030 1035

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly

1040 1045 1050

Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu

1055 1060 1065

Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro

1070 1075 1080

```
His Gly  Ile Thr Asp Val Arg  Pro Leu Tyr Ser Arg  Arg Leu Pro
    1085                1090                1095
Lys Gly  Val Lys His Leu Lys  Asp Phe Pro Ile Leu  Pro Gly Glu
    1100                1105                1110
Ile Phe  Lys Tyr Lys Trp Thr  Val Thr Val Glu Asp  Gly Pro Thr

    1115                1120                1125
Lys Ser  Asp Pro Arg Cys Leu  Thr Arg Tyr Tyr Ser  Ser Phe Val
    1130                1135                1140
Asn Met  Glu Arg Asp Leu Ala  Ser Gly Leu Ile Gly  Pro Leu Leu
    1145                1150                1155
Ile Cys  Tyr Lys Glu Ser Val  Asp Gln Arg Gly Asn  Gln Ile Met
    1160                1165                1170
Ser Asp  Lys Arg Asn Val Ile  Leu Phe Ser Val Phe  Asp Glu Asn

    1175                1180                1185
Arg Ser  Trp Tyr Leu Thr Glu  Asn Ile Gln Arg Phe  Leu Pro Asn
    1190                1195                1200
Pro Ala  Gly Val Gln Leu Glu  Asp Pro Glu Phe Gln  Ala Ser Asn
    1205                1210                1215
Ile Met  His Ser Ile Asn Gly  Tyr Val Phe Asp Ser  Leu Gln Leu
    1220                1225                1230
Ser Val  Cys Leu His Glu Val  Ala Tyr Trp Tyr Ile  Leu Ser Ile

    1235                1240                1245
Gly Ala  Gln Thr Asp Phe Leu  Ser Val Phe Phe Ser  Gly Tyr Thr
    1250                1255                1260
Phe Lys  His Lys Met Val Tyr  Glu Asp Thr Leu Thr  Leu Phe Pro
    1265                1270                1275
Phe Ser  Gly Glu Thr Val Phe  Met Ser Met Glu Asn  Pro Gly Leu
    1280                1285                1290
Trp Ile  Leu Gly Cys His Asn  Ser Asp Phe Arg Asn  Arg Gly Met

    1295                1300                1305
Thr Ala  Leu Leu Lys Val Ser  Ser Cys Asp Lys Asn  Thr Gly Asp
```

1310 1315 1320

Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser

1325 1330 1335

Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gly Thr Ser Glu

1340 1345 1350

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1355 1360 1365

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1370 1375 1380

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1385 1390 1395

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1400 1405 1410

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1415 1420 1425

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1430 1435 1440

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1445 1450 1455

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

1460 1465 1470

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1475 1480 1485

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1490 1495 1500

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1505 1510 1515

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

1520 1525 1530

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1535 1540 1545

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1550 1555 1560

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1565 1570 1575

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1580 1585 1590

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1595 1600 1605

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1610 1615 1620

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gln

1625 1630 1635

Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala

1640 1645 1650

Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

1655 1660 1665

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys

1670 1675 1680

Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro

1685 1690 1695

Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro

1700 1705 1710

Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg

1715 1720 1725

Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser

1730 1735 1740

Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

1745 1750 1755

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His

1760 1765 1770

His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala

1775 1780 1785

Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu

1790 1795 1800

Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala

1805 1810 1815

His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr

1820 1825 1830

Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu

1835 1840 1845

Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr

1850 1855 1860

Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met

1865 1870 1875

Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg

1880 1885 1890

Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile

1895 1900 1905

His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr

1910 1915 1920

Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val

1925 1930 1935

Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu

1940 1945 1950

Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val

1955 1960 1965

Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His

1970 1975 1980

Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp

1985 1990 1995

Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala

2000 2005 2010

Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu

2015 2020 2025

Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln

2030 2035 2040

Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser

2045 2050 2055

Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly

2060 2065 2070

Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys

2075 2080 2085

His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu

2090 2095 2100

His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu

2105 2110 2115

Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu

2120 2125 2130

Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe

2135 2140 2145

Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His

2150 2155 2160

Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro

2165 2170 2175

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr

2180 2185 2190

Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr

2195 2200 2205

Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp

2210 2215 2220

Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn

2225 2230 2235

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu

2240 2245 2250

Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln

2255 2260 2265

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu

2270 2275 2280

Tyr Gly Ser Pro Gly Ile Glu Pro Arg Ser Pro Ser Gly Ser Pro

2285 2290 2295

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2300 2305 2310

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2315 2320 2325

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2330 2335 2340

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2345 2350 2355

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2360 2365 2370

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

2375 2380 2385

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2390 2395 2400

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

2405 2410 2415

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2420 2425 2430

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2435 2440 2445

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2450 2455 2460

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2465 2470 2475

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2480 2485 2490

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2495 2500 2505

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2510 2515 2520

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

2525 2530 2535

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2540 2545 2550

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2555 2560 2565

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2570 2575 2580

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

2585 2590 2595

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

2600 2605 2610

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2615 2620 2625

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2630 2635 2640

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2645 2650 2655

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2660 2665 2670

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2675 2680 2685

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2690 2695 2700

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

2705 2710 2715

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2720 2725 2730

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

2735 2740 2745

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2750 2755 2760

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

2765 2770 2775

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2780 2785 2790

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2795 2800 2805

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2810 2815 2820

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro

2825 2830 2835

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2840 2845 2850

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2855 2860 2865

Ser Ala Pro

2870

<210> 1560

<211> 2583

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1560

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
20 25 30

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
35 40 45
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
50 55 60
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
65 70 75 80
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
85 90 95

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
100 105 110
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
115 120 125
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
130 135 140
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
145 150 155 160

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
165 170 175
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
180 185 190
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
195 200 205
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
210 215 220

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
225 230 235 240
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
245 250 255
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

260 265 270

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

275 280 285

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

290 295 300

Thr Gly Ser Ile Glu Pro Arg Ser Pro Ser Gly Ser Pro Gly Ala Thr

305 310 315 320

Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln

325 330 335

Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val

340 345 350

Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu

355 360 365

Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro

370 375 380

Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp

385 390 395 400

Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu

405 410 415

His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr

420 425 430

Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro

435 440 445

Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro

450 455 460

Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val

465 470 475 480

Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val

485 490 495

Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys

500 505 510

Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser
515 520 525

Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg
530 535 540

Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu
545 550 555 560

Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile
565 570 575

Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His
580 585 590

Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro
595 600 605

Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe
610 615 620

Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala
625 630 635 640

Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys
645 650 655

Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu
660 665 670

Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln
675 680 685

Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile
690 695 700

Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro
705 710 715 720

Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg
725 730 735

Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu
740 745 750

Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly

```
        755                 760                 765
Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys
    770                 775                 780
Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp
785                 790                 795                 800

Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu
                805                 810                 815
Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr
            820                 825                 830
Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr
        835                 840                 845
Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly
    850                 855                 860

Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg
865                 870                 875                 880
Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val
                885                 890                 895
Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe
            900                 905                 910
Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala
        915                 920                 925

Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln
    930                 935                 940
Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile
945                 950                 955                 960
Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe
                965                 970                 975
Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser
            980                 985                 990

Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met  Glu Asn Pro Gly Leu  Trp Ile Leu
        995                 1000                1005
```

Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu
1010 1015 1020
Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
1025 1030 1035
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn
1040 1045 1050

Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
1055 1060 1065
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1070 1075 1080
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1085 1090 1095
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
1100 1105 1110

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1115 1120 1125
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1130 1135 1140
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1145 1150 1155
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1160 1165 1170

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1175 1180 1185
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1190 1195 1200
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1205 1210 1215
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro
1220 1225 1230

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1235 1240 1245

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1250 1255 1260

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1265 1270 1275

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1280 1285 1290

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1295 1300 1305

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1310 1315 1320

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1325 1330 1335

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1340 1345 1350

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1355 1360 1365

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1370 1375 1380

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1385 1390 1395

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser

1400 1405 1410

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1415 1420 1425

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1430 1435 1440

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1445 1450 1455

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1460 1465 1470

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
1475 1480 1485
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1490 1495 1500
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1505 1510 1515
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1520 1525 1530

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1535 1540 1545
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1550 1555 1560
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1565 1570 1575
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
1580 1585 1590

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1595 1600 1605
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly
1610 1615 1620
Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Gln
1625 1630 1635
Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala
1640 1645 1650

Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His
1655 1660 1665
Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys
1670 1675 1680
Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro
1685 1690 1695
Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro

1700 1705 1710

Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg
1715 1720 1725
Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser
1730 1735 1740
Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
1745 1750 1755
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His
1760 1765 1770

His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala
1775 1780 1785
Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu
1790 1795 1800
Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala
1805 1810 1815
His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr
1820 1825 1830

Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu
1835 1840 1845
Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr
1850 1855 1860
Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met
1865 1870 1875
Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg
1880 1885 1890

Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile
1895 1900 1905
His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr
1910 1915 1920
Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val
1925 1930 1935

Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu
1940 1945 1950

Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val
1955 1960 1965
Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His
1970 1975 1980
Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp
1985 1990 1995
Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala
2000 2005 2010

Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu
2015 2020 2025
Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln
2030 2035 2040
Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser
2045 2050 2055
Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly
2060 2065 2070

Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys
2075 2080 2085
His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu
2090 2095 2100
His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu
2105 2110 2115
Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu
2120 2125 2130

Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe
2135 2140 2145
Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His
2150 2155 2160
Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro

2165 2170 2175

Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr

2180 2185 2190

Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr

2195 2200 2205

Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp

2210 2215 2220

Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn

2225 2230 2235

Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu

2240 2245 2250

Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln

2255 2260 2265

Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu

2270 2275 2280

Tyr Gly Ser Pro Gly Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Pro Gly Ala

2285 2290 2295

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

2300 2305 2310

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

2315 2320 2325

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

2330 2335 2340

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

2345 2350 2355

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2360 2365 2370

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

2375 2380 2385

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

2390 2395 2400

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
2405 2410 2415
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
2420 2425 2430

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
2435 2440 2445
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
2450 2455 2460
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser
2465 2470 2475
Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
2480 2485 2490

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
2495 2500 2505
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
2510 2515 2520
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
2525 2530 2535
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
2540 2545 2550

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
2555 2560 2565
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
2570 2575 2580
<210> 1561
<211> 2873
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1561
Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
20 25 30
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
35 40 45
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
50 55 60
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
65 70 75 80

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
100 105 110
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
115 120 125
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
145 150 155 160
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
165 170 175
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
180 185 190
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
195 200 205

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
210 215 220
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
225 230 235 240
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
245 250 255

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
260 265 270

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
275 280 285
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
290 295 300
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
305 310 315 320
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
325 330 335

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
340 345 350
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
355 360 365
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
385 390 395 400

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
405 410 415
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
420 425 430
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
435 440 445
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
450 455 460

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
465 470 475 480
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
485 490 495
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

500 505 510

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

515 520 525

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

530 535 540

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

545 550 555 560

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

565 570 575

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

580 585 590

Thr Gly Ser Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly Ser Pro Gly Ala Thr

595 600 605

Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln

610 615 620

Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val

625 630 635 640

Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu

645 650 655

Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro

660 665 670

Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp

675 680 685

Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu

690 695 700

His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr

705 710 715 720

Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro

725 730 735

Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro

740 745 750

Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val
755 760 765

Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val
770 775 780

Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys
785 790 795 800

Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser
805 810 815

Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg
820 825 830

Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu
835 840 845

Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile
850 855 860

Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His
865 870 875 880

Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro
885 890 895

Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe
900 905 910

Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala
915 920 925

Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys
930 935 940

Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu
945 950 955 960

Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln
965 970 975

Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile
980 985 990

Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro

995 1000 1005

Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln

1010 1015 1020

Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

1025 1030 1035

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly

1040 1045 1050

Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu

1055 1060 1065

Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro

1070 1075 1080

His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro

1085 1090 1095

Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu

1100 1105 1110

Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr

1115 1120 1125

Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val

1130 1135 1140

Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu

1145 1150 1155

Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met

1160 1165 1170

Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn

1175 1180 1185

Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn

1190 1195 1200

Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

1205 1210 1215

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu

1220 1225 1230

```
Ser Val  Cys Leu His Glu Val  Ala Tyr Trp Tyr Ile  Leu Ser Ile
    1235                1240                1245
Gly Ala  Gln Thr Asp Phe Leu  Ser Val Phe Phe Ser  Gly Tyr Thr
    1250                1255                1260
Phe Lys  His Lys Met Val Tyr  Glu Asp Thr Leu Thr  Leu Phe Pro
    1265                1270                1275

Phe Ser  Gly Glu Thr Val Phe  Met Ser Met Glu Asn  Pro Gly Leu
    1280                1285                1290
Trp Ile  Leu Gly Cys His Asn  Ser Asp Phe Arg Asn  Arg Gly Met
    1295                1300                1305
Thr Ala  Leu Leu Lys Val Ser  Ser Cys Asp Lys Asn  Thr Gly Asp
    1310                1315                1320
Tyr Tyr  Glu Asp Ser Tyr Glu  Asp Ile Ser Ala Tyr  Leu Leu Ser
    1325                1330                1335

Lys Asn  Asn Ala Ile Glu Pro  Arg Ser Phe Ser Gln  Asn Pro Gly
    1340                1345                1350
Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro
    1355                1360                1365
Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Thr Pro Gly  Ser Gly Thr
    1370                1375                1380
Ala Ser  Ser Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1385                1390                1395

Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    1400                1405                1410
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Thr Pro Gly
    1415                1420                1425
Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser Ser Thr  Pro Ser Gly
    1430                1435                1440
Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Thr Pro Ser Gly  Ala Thr Gly
    1445                1450                1455

Ser Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr Gly Thr  Gly Pro Gly
```

1460 1465 1470

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1475 1480 1485

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1490 1495 1500

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1505 1510 1515

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1520 1525 1530

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

1535 1540 1545

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1550 1555 1560

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1565 1570 1575

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1580 1585 1590

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1595 1600 1605

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

1610 1615 1620

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

1625 1630 1635

Ser Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe

1640 1645 1650

Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser

1655 1660 1665

Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln

1670 1675 1680

Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr

1685 1690 1695

```
Gln Pro  Leu Tyr Arg Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu
    1700                1705                1710
Gly Pro  Tyr Ile Arg Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr
    1715                1720                1725
Phe Arg  Asn Gln Ala Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu
    1730                1735                1740
Ile Ser  Tyr Glu Glu Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys
    1745                1750                1755

Asn Phe  Val Lys Pro Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val
    1760                1765                1770
Gln His  His Met Ala Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala
    1775                1780                1785
Trp Ala  Tyr Phe Ser Asp Val  Asp Leu Glu Lys Asp  Val His Ser
    1790                1795                1800
Gly Leu  Ile Gly Pro Leu Leu  Val Cys His Thr Asn  Thr Leu Asn
    1805                1810                1815

Pro Ala  His Gly Arg Gln Val  Thr Val Gln Glu Phe  Ala Leu Phe
    1820                1825                1830
Phe Thr  Ile Phe Asp Glu Thr  Lys Ser Trp Tyr Phe  Thr Glu Asn
    1835                1840                1845
Met Glu  Arg Asn Cys Arg Ala  Pro Cys Asn Ile Gln  Met Glu Asp
    1850                1855                1860
Pro Thr  Phe Lys Glu Asn Tyr  Arg Phe His Ala Ile  Asn Gly Tyr
    1865                1870                1875

Ile Met  Asp Thr Leu Pro Gly  Leu Val Met Ala Gln  Asp Gln Arg
    1880                1885                1890
Ile Arg  Trp Tyr Leu Leu Ser  Met Gly Ser Asn Glu  Asn Ile His
    1895                1900                1905
Ser Ile  His Phe Ser Gly His  Val Phe Thr Val Arg  Lys Lys Glu
    1910                1915                1920
Glu Tyr  Lys Met Ala Leu Tyr  Asn Leu Tyr Pro Gly  Val Phe Glu
```

1925 1930 1935

Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu
1940 1945 1950
Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe
1955 1960 1965
Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser
1970 1975 1980
Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly
1985 1990 1995

Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile
2000 2005 2010
Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp
2015 2020 2025
Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala
2030 2035 2040
Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met
2045 2050 2055

Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser
2060 2065 2070
Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly
2075 2080 2085
Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile
2090 2095 2100
Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met
2105 2110 2115

Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly
2120 2125 2130
Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser
2135 2140 2145
Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg
2150 2155 2160

Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn
2165 2170 2175

Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys
2180 2185 2190
Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser
2195 2200 2205
Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His
2210 2215 2220
Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln
2225 2230 2235

Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro
2240 2245 2250
Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val
2255 2260 2265
His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln
2270 2275 2280
Asp Leu Tyr Gly Ser Pro Gly Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly
2285 2290 2295

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
2300 2305 2310
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
2315 2320 2325
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2330 2335 2340
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2345 2350 2355

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2360 2365 2370
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2375 2380 2385
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

2390 2395 2400

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2405 2410 2415

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2420 2425 2430

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2435 2440 2445

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2450 2455 2460

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2465 2470 2475

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

2480 2485 2490

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2495 2500 2505

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2510 2515 2520

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2525 2530 2535

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

2540 2545 2550

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2555 2560 2565

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2570 2575 2580

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2585 2590 2595

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2600 2605 2610

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2615 2620 2625

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2630 2635 2640
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
2645 2650 2655

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
2660 2665 2670
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
2675 2680 2685
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2690 2695 2700
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2705 2710 2715

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2720 2725 2730
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2735 2740 2745
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2750 2755 2760
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2765 2770 2775

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
2780 2785 2790
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2795 2800 2805
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2810 2815 2820
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2825 2830 2835

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
2840 2845 2850
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2855 2860 2865

Glu Gly Ser Ala Pro

2870

<210> 1562

<211> 2572

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1562

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser

20 25 30

Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg

35 40 45

Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val

50 55 60

Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile

65 70 75 80

Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln

85 90 95

Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser

100 105 110

His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser

115 120 125

Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp

130 135 140

Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu

145 150 155 160

Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser

165 170 175

Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile
180 185 190
Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr

195 200 205
Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly
210 215 220
Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp
225 230 235 240
Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr
245 250 255
Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val

260 265 270
Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile
275 280 285
Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser
290 295 300
Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met
305 310 315 320
Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His

325 330 335
Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro
340 345 350
Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp
355 360 365
Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser
370 375 380
Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr

385 390 395 400
Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro
405 410 415
Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

420 425 430

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met

435 440 445

Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu

450 455 460

Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu

465 470 475 480

Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro

485 490 495

His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys

500 505 510

Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe

515 520 525

Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp

530 535 540

Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg

545 550 555 560

Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu

565 570 575

Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val

580 585 590

Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu

595 600 605

Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp

610 615 620

Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val

625 630 635 640

Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp

645 650 655

Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe

660 665 670

Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr
675 680 685
Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro
690 695 700
Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly

705 710 715 720
Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp
725 730 735
Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys
740 745 750
Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
755 760 765
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

770 775 780
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
785 790 795 800
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro
805 810 815
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
820 825 830
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

835 840 845
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
850 855 860
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
865 870 875 880
Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
885 890 895
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

900 905 910
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

915 920 925

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

930 935 940

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

945 950 955 960

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

965 970 975

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

980 985 990

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

995 1000 1005

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1010 1015 1020

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1025 1030 1035

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1040 1045 1050

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1055 1060 1065

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1085 1090 1095

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala

1100 1105 1110

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1115 1120 1125

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1130 1135 1140

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1145 1150 1155

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1175 1180 1185

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1205 1210 1215

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1220 1225 1230

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1235 1240 1245

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1250 1255 1260

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1280 1285 1290

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1295 1300 1305

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1310 1315 1320

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1325 1330 1335

Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

1340 1345 1350

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro

1355 1360 1365

His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe

1370 1375 1380

Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln

1385 1390 1395

Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly

1400 1405 1410

Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe

1415 1420 1425

Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

1430 1435 1440

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn

1445 1450 1455

Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln

1460 1465 1470

His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp

1475 1480 1485

Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly

1490 1495 1500

Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro

1505 1510 1515

Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe

1520 1525 1530

Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met

1535 1540 1545

Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro

1550 1555 1560

Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile

1565 1570 1575

Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile

1580 1585 1590

Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser

1595 1600 1605

Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu

1610 1615 1620

Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr

1625 1630 1635

Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys

1640 1645 1650

Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu

1655 1660 1665

Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly

1670 1675 1680

His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln

1685 1690 1695

Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn

1700 1705 1710

Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu

1715 1720 1725

Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg

1730 1735 1740

Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr

1745 1750 1755

Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr

1760 1765 1770

Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile

1775 1780 1785

Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg

1790 1795 1800

Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu

1805 1810 1815

Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met

1820 1825 1830

Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr

1835 1840 1845

Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu

1850 1855 1860

His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn

1865 1870 1875

Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val

1880 1885 1890

Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met

1895 1900 1905

Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln

1910 1915 1920

Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly

1925 1930 1935

Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro

1940 1945 1950

Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His

1955 1960 1965

Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp

1970 1975 1980

Leu Tyr Gly Ser Pro Gly Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Pro Gly

1985 1990 1995

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

2000 2005 2010

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

2015 2020 2025

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

2030 2035 2040

Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2045 2050 2055

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

2060 2065 2070

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2075 2080 2085

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2090 2095 2100

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2105 2110 2115

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

2120 2125 2130

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2135 2140 2145

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

2150 2155 2160

Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

2165 2170 2175

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

2180 2185 2190

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2195 2200 2205

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

2210 2215 2220

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2225 2230 2235

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

2240 2245 2250

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

2255 2260 2265

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

2270 2275 2280

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2285 2290 2295

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

2300 2305 2310

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2315 2320 2325

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2330 2335 2340

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

2345 2350 2355

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

2360 2365 2370

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2375 2380 2385

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2390 2395 2400

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2405 2410 2415

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

2420 2425 2430

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

2435 2440 2445

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

2450 2455 2460

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2465 2470 2475

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

2480 2485 2490

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2495 2500 2505

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser

2510 2515 2520

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

2525 2530 2535

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

2540 2545 2550

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

2555 2560 2565

Ser Thr Gly Ser

2570

<210> 1563

<211> 2297

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<

400> 1563

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe

1 5 10 15

Cys Phe Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

20 25 30

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

35 40 45

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

50 55 60

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

65 70 75 80

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

85 90 95

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

100 105 110

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

115 120 125

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

130 135 140

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

145 150 155 160

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

165 170 175

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

180 185 190

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

195 200 205

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

210 215 220

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

225 230 235 240

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

245 250 255

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

260 265 270

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

275 280 285

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

290 295 300

Thr Gly Ser Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly Pro Ser Gly Pro Ala

305 310 315 320

Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met

325 330 335

Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg

340 345 350

Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr

355 360 365

Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg

370 375 380

Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr

385 390 395 400

Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser

405 410 415

Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu
420 425 430
Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe
435 440 445

Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly
450 455 460
Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His
465 470 475 480
Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu
485 490 495
Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His
500 505 510

Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His
515 520 525
Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala
530 535 540
Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser
545 550 555 560
Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val
565 570 575

Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly
580 585 590
His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser
595 600 605
Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln
610 615 620
Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu
625 630 635 640

Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met
645 650 655
Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser

660 665 670

Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile

675 680 685

Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr

690 695 700

Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala

705 710 715 720

Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln

725 730 735

Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp

740 745 750

Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu

755 760 765

Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe

770 775 780

Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr

785 790 795 800

Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His

805 810 815

Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp

820 825 830

Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu

835 840 845

Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser

850 855 860

Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln

865 870 875 880

Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser

885 890 895

Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg

900 905 910

Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln
915 920 925

Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu
930 935 940

Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser
945 950 955 960

Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr
965 970 975

Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe
980 985 990

Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile
995 1000 1005

Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
1010 1015 1020

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr
1025 1030 1035

Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn
1040 1045 1050

Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly
1055 1060 1065

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
1070 1075 1080

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
1085 1090 1095

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1100 1105 1110

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1115 1120 1125

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1130 1135 1140

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1145 1150 1155

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1160 1165 1170

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1175 1180 1185

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1190 1195 1200

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1205 1210 1215

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1220 1225 1230

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser

1235 1240 1245

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1250 1255 1260

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1265 1270 1275

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

1280 1285 1290

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1295 1300 1305

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1310 1315 1320

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

1325 1330 1335

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gln Ser Pro

1340 1345 1350

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

1355 1360 1365

Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

1370 1375 1380

```
Arg Asn  Arg Ala Gln Ser Gly  Ser Val Pro Gln Phe  Lys Lys Val
    1385                 1390                 1395
Val Phe  Gln Glu Phe Thr Asp  Gly Ser Phe Thr Gln  Pro Leu Tyr
    1400                 1405                 1410
Arg Gly  Glu Leu Asn Glu His  Leu Gly Leu Leu Gly  Pro Tyr Ile
    1415                 1420                 1425
Arg Ala  Glu Val Glu Asp Asn  Ile Met Val Thr Phe  Arg Asn Gln
    1430                 1435                 1440

Ala Ser  Arg Pro Tyr Ser Phe  Tyr Ser Ser Leu Ile  Ser Tyr Glu
    1445                 1450                 1455
Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg Lys Asn  Phe Val Lys
    1460                 1465                 1470
Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys Val Gln  His His Met
    1475                 1480                 1485
Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys Ala Trp  Ala Tyr Phe
    1490                 1495                 1500

Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His Ser Gly  Leu Ile Gly
    1505                 1510                 1515
Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu Asn Pro  Ala His Gly
    1520                 1525                 1530
Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu Phe Phe  Thr Ile Phe
    1535                 1540                 1545
Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu Asn Met  Glu Arg Asn
    1550                 1555                 1560

Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu Asp Pro  Thr Phe Lys
    1565                 1570                 1575
Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly Tyr Ile  Met Asp Thr
    1580                 1585                 1590
Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln Arg Ile  Arg Trp Tyr
    1595                 1600                 1605
Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile His Ser  Ile His Phe
```

1610 1615 1620

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met
1625 1630 1635
Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met
1640 1645 1650
Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly
1655 1660 1665
Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser
1670 1675 1680

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg
1685 1690 1695
Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro
1700 1705 1710
Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser
1715 1720 1725
Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro
1730 1735 1740

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe
1745 1750 1755
Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp
1760 1765 1770
Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu
1775 1780 1785
Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn
1790 1795 1800

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro
1805 1810 1815
Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly
1820 1825 1830
Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys
1835 1840 1845

```
Ala Ile  Ser Asp Ala Gln Ile  Thr Ala Ser Ser Tyr  Phe Thr Asn
    1850                 1855                 1860

Met Phe  Ala Thr Trp Ser Pro  Ser Lys Ala Arg Leu  His Leu Gln
    1865                 1870                 1875
Gly Arg  Ser Asn Ala Trp Arg  Pro Gln Val Asn Asn  Pro Lys Glu
    1880                 1885                 1890
Trp Leu  Gln Val Asp Phe Gln  Lys Thr Met Lys Val  Thr Gly Val
    1895                 1900                 1905
Thr Thr  Gln Gly Val Lys Ser  Leu Leu Thr Ser Met  Tyr Val Lys
    1910                 1915                 1920

Glu Phe  Leu Ile Ser Ser Ser  Gln Asp Gly His Gln  Trp Thr Leu
    1925                 1930                 1935
Phe Phe  Gln Asn Gly Lys Val  Lys Val Phe Gln Gly  Asn Gln Asp
    1940                 1945                 1950
Ser Phe  Thr Pro Val Val Asn  Ser Leu Asp Pro Pro  Leu Leu Thr
    1955                 1960                 1965
Arg Tyr  Leu Arg Ile His Pro  Gln Ser Trp Val His  Gln Ile Ala
    1970                 1975                 1980

Leu Arg  Met Glu Val Leu Gly  Cys Glu Ala Gln Asp  Leu Tyr Gly
    1985                 1990                 1995
Pro Ser  Gly Pro Gln Ser Pro  Arg Ser Phe Gln Gly  Thr Ser Glu
    2000                 2005                 2010
Ser Ala  Thr Pro Glu Ser Gly  Pro Gly Ser Glu Pro  Ala Thr Ser
    2015                 2020                 2025
Gly Ser  Glu Thr Pro Gly Thr  Ser Glu Ser Ala Thr  Pro Glu Ser
    2030                 2035                 2040

Gly Pro  Gly Ser Glu Pro Ala  Thr Ser Gly Ser Glu  Thr Pro Gly
    2045                 2050                 2055
Thr Ser  Glu Ser Ala Thr Pro  Glu Ser Gly Pro Gly  Thr Ser Thr
    2060                 2065                 2070
Glu Pro  Ser Glu Gly Ser Ala  Pro Gly Ser Pro Ala  Gly Ser Pro
```

2075 2080 2085

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2090 2095 2100

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2105 2110 2115

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

2120 2125 2130

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2135 2140 2145

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2150 2155 2160

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2165 2170 2175

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu

2180 2185 2190

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2195 2200 2205

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

2210 2215 2220

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2225 2230 2235

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

2240 2245 2250

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2255 2260 2265

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2270 2275 2280

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2285 2290 2295

<210> 1564

<211> 2572

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1564

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15

Cys Phe Ser Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
20 25 30

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
35 40 45

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
50 55 60

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
65 70 75 80

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
85 90 95

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
100 105 110

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
115 120 125

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
130 135 140

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
145 150 155 160

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
165 170 175

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu
180 185 190

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
195 200 205

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

210 215 220

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
225 230 235 240
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
245 250 255
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
260 265 270
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
275 280 285

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
290 295 300
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
305 310 315 320
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
325 330 335
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
340 345 350

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
355 360 365
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu
370 375 380
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
385 390 395 400
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
405 410 415

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly
420 425 430
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
435 440 445
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
450 455 460

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser
465 470 475 480

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
485 490 495
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
500 505 510
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser
515 520 525
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
530 535 540

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
545 550 555 560
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
565 570 575
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
580 585 590
Ser Ala Pro Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Gly Ser Pro Gly Ala Thr
595 600 605

Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln
610 615 620
Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val
625 630 635 640
Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu
645 650 655
Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro
660 665 670

Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp
675 680 685
Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu
690 695 700
His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr

705 710 715 720

Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro

725 730 735

Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro

740 745 750

Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val

755 760 765

Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val

770 775 780

Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys

785 790 795 800

Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser

805 810 815

Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg

820 825 830

Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu

835 840 845

Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile

850 855 860

Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His

865 870 875 880

Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro

885 890 895

Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe

900 905 910

Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala

915 920 925

Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys

930 935 940

Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu

945 950 955 960

Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln
965 970 975
Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile
980 985 990

Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro
995 1000 1005
Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln
1010 1015 1020
Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
1025 1030 1035
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly
1040 1045 1050

Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu
1055 1060 1065
Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro
1070 1075 1080
His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro
1085 1090 1095
Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu
1100 1105 1110

Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr
1115 1120 1125
Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val
1130 1135 1140
Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu
1145 1150 1155
Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met
1160 1165 1170

Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
1175 1180 1185
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn

1190 1195 1200

Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn

1205 1210 1215

Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu

1220 1225 1230

Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile

1235 1240 1245

Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr

1250 1255 1260

Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

1265 1270 1275

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu

1280 1285 1290

Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met

1295 1300 1305

Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp

1310 1315 1320

Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser

1325 1330 1335

Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Pro Gly Thr Pro

1340 1345 1350

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1355 1360 1365

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1370 1375 1380

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

1385 1390 1395

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1400 1405 1410

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1415 1420 1425

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1430 1435 1440
Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
1460 1465 1470

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1475 1480 1485
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1490 1495 1500
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1505 1510 1515
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
1520 1525 1530

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1535 1540 1545
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1550 1555 1560
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1565 1570 1575
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1580 1585 1590

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
1595 1600 1605
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1610 1615 1620
Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1625 1630 1635
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1640 1645 1650

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1655 1660 1665

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1670 1675 1680

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1685 1690 1695

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1700 1705 1710

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1715 1720 1725

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1730 1735 1740

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1745 1750 1755

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

1760 1765 1770

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1775 1780 1785

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1790 1795 1800

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1805 1810 1815

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1820 1825 1830

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1835 1840 1845

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1850 1855 1860

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1865 1870 1875

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1880 1885 1890

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1895 1900 1905
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1910 1915 1920
Gly Ser Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr
1925 1930 1935
Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser
1940 1945 1950

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro
1955 1960 1965
Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe
1970 1975 1980
Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
1985 1990 1995
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val
2000 2005 2010

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
2015 2020 2025
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg
2030 2035 2040
Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys
2045 2050 2055
Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys
2060 2065 2070

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His
2075 2080 2085
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu
2090 2095 2100
Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu
2105 2110 2115
Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

2120 2125 2130

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu
2135 2140 2145
Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly
2150 2155 2160
Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln
2165 2170 2175
Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile
2180 2185 2190

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys
2195 2200 2205
Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe
2210 2215 2220
Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val
2225 2230 2235
Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu
2240 2245 2250

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
2255 2260 2265
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
2270 2275 2280
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser
2285 2290 2295
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
2300 2305 2310

Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
2315 2320 2325
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
2330 2335 2340
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn
2345 2350 2355

Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
2360 2365 2370

Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
2375 2380 2385
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
2390 2395 2400
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu
2405 2410 2415
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
2420 2425 2430

Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
2435 2440 2445
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
2450 2455 2460
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met
2465 2470 2475
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr
2480 2485 2490

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly
2495 2500 2505
His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe
2510 2515 2520
Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp
2525 2530 2535
Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp
2540 2545 2550

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala
2555 2560 2565
Gln Asp Leu Tyr
2570
<210> 1565

<211> 2360

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1565

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Ser
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Lys
355 360 365
Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
370 375 380
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser
385 390 395 400
Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

405 410 415

Gly Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp
420 425 430
Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu
435 440 445
Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn

450 455 460

Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala

465 470 475 480

Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser

485 490 495

Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu

500 505 510

Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His

515 520 525

Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly

530 535 540

Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys

545 550 555 560

Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro

565 570 575

Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp

580 585 590

Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser

595 600 605

Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile

610 615 620

Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn

625 630 635 640

Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro

645 650 655

Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe

660 665 670

Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr

675 680 685

Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser

690 695 700

Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu
705 710 715 720
Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly

725 730 735
Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met
740 745 750
Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr
755 760 765
Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn
770 775 780
Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys

785 790 795 800
Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu
805 810 815
Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp
820 825 830
Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln
835 840 845
Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp

850 855 860
Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser
865 870 875 880
Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp
885 890 895
Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu
900 905 910
Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met

915 920 925
Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser
930 935 940
Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys

945 950 955 960

Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln

965 970 975

His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala

980 985 990

Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile

995 1000 1005

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

1010 1015 1020

Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile

1025 1030 1035

Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg

1040 1045 1050

Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe

1055 1060 1065

Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp

1070 1075 1080

Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp

1085 1090 1095

Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His

1100 1105 1110

Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys

1115 1120 1125

Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu

1130 1135 1140

Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile

1145 1150 1155

Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr

1160 1165 1170

Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile

1175 1180 1185

Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala

1190 1195 1200

Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp

1205 1210 1215

Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala

1220 1225 1230

Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys

1235 1240 1245

Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu

1250 1255 1260

Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr

1265 1270 1275

Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His

1280 1285 1290

Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His

1295 1300 1305

Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met

1310 1315 1320

Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser

1325 1330 1335

Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr

1340 1345 1350

Asn Met Phe Ala Thr Trp Thr Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu

1355 1360 1365

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1370 1375 1380

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1385 1390 1395

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1400 1405 1410

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1415 1420 1425

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln

1430 1435 1440

Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu

1445 1450 1455

Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile

1460 1465 1470

Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1475 1480 1485

Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

1490 1495 1500

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1505 1510 1515

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1520 1525 1530

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

1535 1540 1545

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1550 1555 1560

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1565 1570 1575

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1580 1585 1590

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

1595 1600 1605

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1610 1615 1620

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1625 1630 1635

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1640 1645 1650

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr

1655 1660 1665

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1670 1675 1680

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1685 1690 1695

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1700 1705 1710

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1715 1720 1725

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1730 1735 1740

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1745 1750 1755

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1760 1765 1770

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala

1775 1780 1785

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1790 1795 1800

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1805 1810 1815

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1835 1840 1845

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1850 1855 1860

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1865 1870 1875

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1880 1885 1890

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

1895 1900 1905

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1910 1915 1920

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1925 1930 1935

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1940 1945 1950

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1955 1960 1965

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1970 1975 1980

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1985 1990 1995

Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2000 2005 2010

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

2015 2020 2025

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro

2030 2035 2040

Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2045 2050 2055

Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2060 2065 2070

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2075 2080 2085

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2090 2095 2100

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

2105 2110 2115

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2120 2125 2130

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

2135 2140 2145

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2150 2155 2160

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

2165 2170 2175

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2180 2185 2190

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

2195 2200 2205

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2210 2215 2220

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2225 2230 2235

Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

2240 2245 2250

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2255 2260 2265

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2270 2275 2280

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2285 2290 2295

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

2300 2305 2310

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

2315 2320 2325

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2330 2335 2340

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2345 2350 2355

Ala Pro

2360

<210> 1566

<211> 2615

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1566

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Leu Gly Arg Ile Val Gly

740 745 750

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

755 760 765

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

770 775 780

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

785 790 795 800

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

805 810 815

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

820 825 830

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly

835 840 845

Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

850 855 860

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

865 870 875 880

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

885 890 895

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

900 905 910

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
915 920 925
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
930 935 940

Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
945 950 955 960
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
965 970 975
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
980 985 990
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser
995 1000 1005

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser
1010 1015 1020
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
1025 1030 1035
Thr Gly Ser Gly Pro Leu Gly Arg Ile Val Gly Gly Pro Pro Val
1040 1045 1050
Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser
1055 1060 1065

Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met
1070 1075 1080
Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser
1085 1090 1095
Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala
1100 1105 1110
Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val
1115 1120 1125

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys
1130 1135 1140
Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

1145 1150 1155

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr

1160 1165 1170

Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn

1175 1180 1185

Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr

1190 1195 1200

Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val

1205 1210 1215

Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

1220 1225 1230

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr

1235 1240 1245

Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile

1250 1255 1260

Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His

1265 1270 1275

Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile

1280 1285 1290

Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg

1295 1300 1305

Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe

1310 1315 1320

Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp

1325 1330 1335

Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp

1340 1345 1350

Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His

1355 1360 1365

Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys

1370 1375 1380

```
Met Ala  Leu Tyr Asn Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu
    1385                 1390                 1395
Met Leu  Pro Ser Lys Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile
    1400                 1405                 1410
Gly Glu  His Leu His Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr
    1415                 1420                 1425

Ser Asn  Lys Cys Gln Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile
    1430                 1435                 1440
Arg Asp  Phe Gln Ile Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala
    1445                 1450                 1455
Pro Lys  Leu Ala Arg Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp
    1460                 1465                 1470
Ser Thr  Lys Glu Pro Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala
    1475                 1480                 1485

Pro Met  Ile Ile His Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys
    1490                 1495                 1500
Phe Ser  Ser Leu Tyr Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu
    1505                 1510                 1515
Asp Gly  Lys Lys Trp Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr
    1520                 1525                 1530
Leu Met  Val Phe Phe Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His
    1535                 1540                 1545

Asn Ile  Phe Asn Pro Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His
    1550                 1555                 1560
Pro Thr  His Tyr Ser Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met
    1565                 1570                 1575
Gly Cys  Asp Leu Asn Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser
    1580                 1585                 1590
Lys Ala  Ile Ser Asp Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr
    1595                 1600                 1605

Asn Met  Phe Ala Thr Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu
```

1610 1615 1620

Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys

1625 1630 1635

Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly

1640 1645 1650

Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val

1655 1660 1665

Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr

1670 1675 1680

Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln

1685 1690 1695

Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu

1700 1705 1710

Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile

1715 1720 1725

Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr

1730 1735 1740

Pro Leu Gly Arg Ile Val Gly Gly Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

1745 1750 1755

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr

1760 1765 1770

Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

1775 1780 1785

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

1790 1795 1800

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

1805 1810 1815

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

1820 1825 1830

Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

1835 1840 1845

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1850 1855 1860
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1865 1870 1875
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
1880 1885 1890
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1895 1900 1905

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1910 1915 1920
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
1925 1930 1935
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1940 1945 1950
Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly
1955 1960 1965

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr
1970 1975 1980
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1985 1990 1995
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2000 2005 2010
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2015 2020 2025

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
2030 2035 2040
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2045 2050 2055
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2060 2065 2070
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly

2075 2080 2085

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly
2090 2095 2100
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2105 2110 2115
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2120 2125 2130
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2135 2140 2145

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2150 2155 2160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2165 2170 2175
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
2180 2185 2190
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
2195 2200 2205

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2210 2215 2220
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
2225 2230 2235
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2240 2245 2250
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2255 2260 2265

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro
2270 2275 2280
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2285 2290 2295
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly
2300 2305 2310

Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2315 2320 2325

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2330 2335 2340
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
2345 2350 2355
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2360 2365 2370
Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
2375 2380 2385

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2390 2395 2400
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
2405 2410 2415
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
2420 2425 2430
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2435 2440 2445

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2450 2455 2460
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
2465 2470 2475
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
2480 2485 2490
Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2495 2500 2505

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2510 2515 2520
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
2525 2530 2535
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2540 2545 2550

Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

2555 2560 2565

Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

2570 2575 2580

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

2585 2590 2595

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly

2600 2605 2610

Ser Pro

2615

<210> 1567

<211> 2242

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1567

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Leu Gln Val Arg Ile Val Gly Gly Gly Ala Pro Ser Pro Ser Ala Ser
130 135 140
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
145 150 155 160
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Pro Ser
165 170 175
Gly Pro Gly Leu Gln Val Arg Ile Val Gly Gly Phe Pro Gly Gly Ser
180 185 190

His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser
195 200 205
Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val
210 215 220
Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu
225 230 235 240
Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu
245 250 255

Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys
260 265 270
Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro
275 280 285
Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu
290 295 300
Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly
305 310 315 320

Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu
325 330 335
Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe
340 345 350
Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe

355 360 365

Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys

370 375 380

Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu

385 390 395 400

Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val

405 410 415

Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser

420 425 430

Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu

435 440 445

Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg

450 455 460

Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg

465 470 475 480

Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys

485 490 495

Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu

500 505 510

Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala

515 520 525

Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro

530 535 540

Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe

545 550 555 560

Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val

565 570 575

Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr

580 585 590

Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly

595 600 605

Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln
610 615 620
Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu
625 630 635 640

Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn
645 650 655
Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile
660 665 670
Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val
675 680 685
Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln
690 695 700

Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys
705 710 715 720
Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr
725 730 735
Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His
740 745 750
Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser
755 760 765

Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp
770 775 780
Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser
785 790 795 800
Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr
805 810 815
Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr
820 825 830

Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp
835 840 845
Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe

850 855 860

Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro

865 870 875 880

His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys

885 890 895

Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu

900 905 910

Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

915 920 925

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala

930 935 940

Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp

945 950 955 960

Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu

965 970 975

Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys

980 985 990

Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu

995 1000 1005

Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys

1010 1015 1020

His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val

1025 1030 1035

Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser

1040 1045 1050

Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys

1055 1060 1065

Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe

1070 1075 1080

His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val

1085 1090 1095

```
Met Ala  Gln Asp Gln Arg Ile  Arg Trp Tyr Leu Leu  Ser Met Gly
    1100                1105                1110
Ser Asn  Glu Asn Ile His Ser  Ile His Phe Ser Gly  His Val Phe
    1115                1120                1125
Thr Val  Arg Lys Lys Glu Glu  Tyr Lys Met Ala Leu  Tyr Asn Leu
    1130                1135                1140

Tyr Pro  Gly Val Phe Glu Thr  Val Glu Met Leu Pro  Ser Lys Ala
    1145                1150                1155
Gly Ile  Trp Arg Val Glu Cys  Leu Ile Gly Glu His  Leu His Ala
    1160                1165                1170
Gly Met  Ser Thr Leu Phe Leu  Val Tyr Ser Asn Lys  Cys Gln Thr
    1175                1180                1185
Pro Leu  Gly Met Ala Ser Gly  His Ile Arg Asp Phe  Gln Ile Thr
    1190                1195                1200

Ala Ser  Gly Gln Tyr Gly Leu  Gln Val Arg Ile Val  Gly Gly Ser
    1205                1210                1215
Gly Thr  Ala Ser Ser Ser Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala
    1220                1225                1230
Thr Gly  Ser Pro Gly Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser
    1235                1240                1245
Pro Gly  Ser Ser Thr Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ser
    1250                1255                1260

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Pro Ser
    1265                1270                1275
Ala Ser  Thr Gly Thr Gly Pro  Gly Ser Ser Pro Ser  Ala Ser Thr
    1280                1285                1290
Gly Thr  Gly Pro Gly Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser
    1295                1300                1305
Pro Gly  Thr Pro Gly Ser Gly  Thr Ala Ser Ser Ser  Pro Gly Ser
    1310                1315                1320

Ser Thr  Pro Ser Gly Ala Thr  Gly Ser Pro Gly Ser  Ser Pro Ser
```

1325 1330 1335

Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1340 1345 1350

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Leu Gln Val Arg Ile Val

1355 1360 1365

Gly Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly

1370 1375 1380

Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys

1385 1390 1395

Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln

1400 1405 1410

Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile

1415 1420 1425

Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly

1430 1435 1440

Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser

1445 1450 1455

Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg

1460 1465 1470

Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu

1475 1480 1485

Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro

1490 1495 1500

Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala

1505 1510 1515

Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys

1520 1525 1530

Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln

1535 1540 1545

Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr

1550 1555 1560

```
Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly Val Lys  Ser Leu Leu
    1565                1570                1575
Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile Ser Ser  Ser Gln Asp
    1580                1585                1590
Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn Gly Lys  Val Lys Val
    1595                1600                1605
Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro Val Val  Asn Ser Leu
    1610                1615                1620

Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg Ile His  Pro Gln Ser
    1625                1630                1635
Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu Val Leu  Gly Cys Glu
    1640                1645                1650
Ala Gln  Asp Leu Tyr Leu Gln  Val Arg Ile Val Gly  Gly Pro Gly
    1655                1660                1665
Thr Pro  Gly Ser Gly Thr Ala  Ser Ser Ser Pro Gly  Ser Ser Thr
    1670                1675                1680

Pro Ser  Gly Ala Thr Gly Ser  Pro Gly Ser Ser Pro  Ser Ala Ser
    1685                1690                1695
Thr Gly  Thr Gly Pro Gly Ser  Ser Pro Ser Ala Ser  Thr Gly Thr
    1700                1705                1710
Gly Pro  Gly Ser Ser Thr Pro  Ser Gly Ala Thr Gly  Ser Pro Gly
    1715                1720                1725
Ser Ser  Thr Pro Ser Gly Ala  Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro
    1730                1735                1740

Gly Thr  Ser Ser Thr Gly Ser  Pro Gly Ala Ser Pro  Gly Thr Ser
    1745                1750                1755
Ser Thr  Gly Ser Pro Gly Ala  Ser Pro Gly Thr Ser  Ser Thr Gly
    1760                1765                1770
Ser Pro  Gly Thr Pro Gly Ser  Gly Thr Ala Ser Ser  Ser Pro Gly
    1775                1780                1785
Ala Ser  Pro Gly Thr Ser Ser  Thr Gly Ser Pro Gly  Ala Ser Pro
```

1790 1795 1800

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1805 1810 1815
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr
1820 1825 1830
Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
1835 1840 1845
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
1850 1855 1860

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1865 1870 1875
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1880 1885 1890
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1895 1900 1905
Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
1910 1915 1920

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
1925 1930 1935
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
1940 1945 1950
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
1955 1960 1965
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
1970 1975 1980

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
1985 1990 1995
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
2000 2005 2010
Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly
2015 2020 2025

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
2030 2035 2040

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2045 2050 2055
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
2060 2065 2070
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
2075 2080 2085
Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
2090 2095 2100

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
2105 2110 2115
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly
2120 2125 2130
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
2135 2140 2145
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
2150 2155 2160

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2165 2170 2175
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser
2180 2185 2190
Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly
2195 2200 2205
Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro
2210 2215 2220

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
2225 2230 2235
Ser Thr Gly Ser
2240
<210> 1568

<211> 3351

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1568

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30
Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp

865 870 875 880

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro

885 890 895

Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys

900 905 910

Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys

915 920 925

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu

930 935 940

Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

945 950 955 960

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly

965 970 975

Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys

980 985 990

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu

995 1000 1005

Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr

1010 1015 1020

Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile

1025 1030 1035

Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys

1040 1045 1050

Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp

1055 1060 1065

Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

1070 1075 1080

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr

1085 1090 1095

Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys

1100 1105 1110

His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr

1115 1120 1125

Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

1130 1135 1140

Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe

1145 1150 1155

Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu

1160 1165 1170

Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr

1175 1180 1185

Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys

1190 1195 1200

Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser

1205 1210 1215

Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

1220 1225 1230

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val

1235 1240 1245

His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu

1250 1255 1260

Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

1265 1270 1275

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe

1280 1285 1290

Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln

1295 1300 1305

His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

1310 1315 1320

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr

1325 1330 1335

Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser

1340 1345 1350

Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile

1355 1360 1365

Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

1370 1375 1380

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr

1385 1390 1395

Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

1400 1405 1410

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly

1415 1420 1425

Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val

1430 1435 1440

Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg

1445 1450 1455

Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

1460 1465 1470

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp

1475 1480 1485

Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr

1490 1495 1500

Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe

1505 1510 1515

Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu

1520 1525 1530

Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu

1535 1540 1545

Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg

1550 1555 1560

Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys

1565 1570 1575

Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala

1580 1585 1590

Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser

1595 1600 1605

Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg Gln Lys Gln Phe Asn Ala

1610 1615 1620

Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys Thr Asp Pro Trp Phe

1625 1630 1635

Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn Val Ser Ser Ser

1640 1645 1650

Asp Leu Leu Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro His Gly Leu

1655 1660 1665

Ser Leu Ser Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe Ser Asp

1670 1675 1680

Asp Pro Ser Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser Glu

1685 1690 1695

Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val

1700 1705 1710

Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu

1715 1720 1725

Gly Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val

1730 1735 1740

Ser Ser Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn

1745 1750 1755

Leu Ala Ala Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser

1760 1765 1770

Met Pro Val His Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly

1775 1780 1785

Lys Lys Ser Ser Pro Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu

1790 1795 1800

Ser Glu Glu Asn Asn Asp Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met

1805 1810 1815

Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu

1820 1825 1830

Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly Lys Arg Ala His Gly Pro Ala Leu

1835 1840 1845

Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys Val Ser Ile Ser Leu Leu

1850 1855 1860

Lys Thr Asn Lys Thr Ser Asn Asn Ser Ala Thr Asn Arg Lys Thr

1865 1870 1875

His Ile Asp Gly Pro Ser Leu Leu Ile Glu Asn Ser Pro Ser Val

1880 1885 1890

Trp Gln Asn Ile Leu Glu Ser Asp Thr Glu Phe Lys Lys Val Thr

1895 1900 1905

Pro Leu Ile His Asp Arg Met Leu Met Asp Lys Asn Ala Thr Ala

1910 1915 1920

Leu Arg Leu Asn His Met Ser Asn Lys Thr Thr Ser Ser Lys Asn

1925 1930 1935

Met Glu Met Val Gln Gln Lys Lys Glu Gly Pro Ile Pro Pro Asp

1940 1945 1950

Ala Gln Asn Pro Asp Met Ser Phe Phe Lys Met Leu Phe Leu Pro

1955 1960 1965

Glu Ser Ala Arg Trp Ile Gln Arg Thr His Gly Lys Asn Ser Leu

1970 1975 1980

Asn Ser Gly Gln Gly Pro Ser Pro Lys Gln Leu Val Ser Leu Gly

1985 1990 1995

Pro Glu Lys Ser Val Glu Gly Gln Asn Phe Leu Ser Glu Lys Asn

2000 2005 2010

Lys Val Val Val Gly Lys Gly Glu Phe Thr Lys Asp Val Gly Leu

2015 2020 2025

Lys Glu Met Val Phe Pro Ser Ser Arg Asn Leu Phe Leu Thr Asn

2030 2035 2040

Leu Asp Asn Leu His Glu Asn Asn Thr His Asn Gln Glu Lys Lys

2045 2050 2055

Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys Lys Glu Thr Leu Ile Gln Glu Asn

2060 2065 2070

Val Val Leu Pro Gln Ile His Thr Val Thr Gly Thr Lys Asn Phe

2075 2080 2085

Met Lys Asn Leu Phe Leu Leu Ser Thr Arg Gln Asn Val Glu Gly

2090 2095 2100

Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu Gln Asp Phe Arg Ser

2105 2110 2115

Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys His Thr Ala His Phe

2120 2125 2130

Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln

2135 2140 2145

Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys Thr Thr Arg Ile Ser

2150 2155 2160

Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr Gln Arg Ser Lys Arg

2165 2170 2175

Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu Glu Thr Glu Leu Glu

2180 2185 2190

Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn

2195 2200 2205

Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr Gln Ile Asp Tyr Asn

2210 2215 2220

Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys

2225 2230 2235

Leu Thr Arg Ser His Ser Ile Pro Gln Ala Asn Arg Ser Pro Leu

2240 2245 2250

Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser Ile Arg Pro Ile Tyr

2255 2260 2265

Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser Ser His Leu Pro Ala

2270 2275 2280

Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val Gln Glu Ser Ser His

2285 2290 2295

Phe Leu Gln Gly Ala Lys Lys Asn Asn Leu Ser Leu Ala Ile Leu

2300 2305 2310

Thr Leu Glu Met Thr Gly Asp Gln Arg Glu Val Gly Ser Leu Gly

2315 2320 2325

Thr Ser Ala Thr Asn Ser Val Thr Tyr Lys Lys Val Glu Asn Thr

2330 2335 2340

Val Leu Pro Lys Pro Asp Leu Pro Lys Thr Ser Gly Lys Val Glu

2345 2350 2355

Leu Leu Pro Lys Val His Ile Tyr Gln Lys Asp Leu Phe Pro Thr

2360 2365 2370

Glu Thr Ser Asn Gly Ser Pro Gly His Leu Asp Leu Val Glu Gly

2375 2380 2385

Ser Leu Leu Gln Gly Thr Glu Gly Ala Ile Lys Trp Asn Glu Ala

2390 2395 2400

Asn Arg Pro Gly Lys Val Pro Phe Leu Arg Val Ala Thr Glu Ser

2405 2410 2415

Ser Ala Lys Thr Pro Ser Lys Leu Leu Asp Pro Leu Ala Trp Asp

2420 2425 2430

Asn His Tyr Gly Thr Gln Ile Pro Lys Glu Glu Trp Lys Ser Gln

2435 2440 2445

Glu Lys Ser Pro Glu Lys Thr Ala Phe Lys Lys Lys Asp Thr Ile

2450 2455 2460

Leu Ser Leu Asn Ala Cys Glu Ser Asn His Ala Ile Ala Ala Ile

2465 2470 2475

Asn Glu Gly Gln Asn Lys Pro Glu Ile Glu Val Thr Trp Ala Lys

2480 2485 2490

Gln Gly Arg Thr Glu Arg Leu Cys Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu

2495 2500 2505

Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp

2510 2515 2520

Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

2525 2530 2535

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

2540 2545 2550

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

2555 2560 2565

Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

2570 2575 2580

Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
2585 2590 2595
Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

2600 2605 2610
Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile
2615 2620 2625
Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln
2630 2635 2640
Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu
2645 2650 2655
Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

2660 2665 2670
Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met
2675 2680 2685
Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
2690 2695 2700
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly
2705 2710 2715
Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

2720 2725 2730
Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe
2735 2740 2745
Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn
2750 2755 2760
Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys
2765 2770 2775
Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr

2780 2785 2790
Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr
2795 2800 2805
Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe

2810 2815 2820

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met

2825 2830 2835

Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met

2840 2845 2850

Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly

2855 2860 2865

Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser

2870 2875 2880

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg

2885 2890 2895

Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro

2900 2905 2910

Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser

2915 2920 2925

Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro

2930 2935 2940

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe

2945 2950 2955

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp

2960 2965 2970

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu

2975 2980 2985

Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn

2990 2995 3000

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

3005 3010 3015

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

3020 3025 3030

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

3035 3040 3045

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

3050 3055 3060

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

3065 3070 3075

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

3080 3085 3090

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

3095 3100 3105

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

3110 3115 3120

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

3125 3130 3135

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

3140 3145 3150

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

3155 3160 3165

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

3170 3175 3180

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly

3185 3190 3195

Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr

3200 3205 3210

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

3215 3220 3225

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

3230 3235 3240

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

3245 3250 3255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

3260 3265 3270

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

3275 3280 3285

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

3290 3295 3300

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

3305 3310 3315

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

3320 3325 3330

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

3335 3340 3345

Ser Ala Pro

3350

<210> 1569

<211> 1592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1569

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Gly Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095

```
Ala Gly  Ile Trp Arg Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His
    1100                1105                1110
Ala Gly  Met Ser Thr Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln
    1115                1120                1125
Thr Pro  Leu Gly Met Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile
    1130                1135                1140
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1145                1150                1155

Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1160                1165                1170
Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1175                1180                1185
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1190                1195                1200
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1205                1210                1215

Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1220                1225                1230
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1235                1240                1245
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1250                1255                1260
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                1270                1275

Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                1285                1290
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1295                1300                1305
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                1315                1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
```

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Thr Met Thr Arg
1430 1435 1440
Ile Val Gly Gly Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1445 1450 1455

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly
1460 1465 1470
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
1475 1480 1485
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1490 1495 1500
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1505 1510 1515

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
1520 1525 1530
Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr
1535 1540 1545
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1550 1555 1560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu
1565 1570 1575

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1580 1585 1590

<210> 1570

<211> 1584

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1570

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

```
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
        355                 360                 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
    370                 375                 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385                 390                 395                 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
```

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Gly Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

```
Thr Ala  Ser Gly Gln Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg
    1145                1150                1155
Leu His  Tyr Ser Gly Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro
    1160                1165                1170

Phe Ser  Trp Ile Lys Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His
    1175                1180                1185
Gly Ile  Lys Thr Gln Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr
    1190                1195                1200
Ile Ser  Gln Phe Ile Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp
    1205                1210                1215
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1220                1225                1230

Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro
    1235                1240                1245
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1250                1255                1260
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                1270                1275
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                1285                1290

Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr
    1295                1300                1305
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                1315                1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1325                1330                1335
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1340                1345                1350

Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile
    1355                1360                1365
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
```

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Gly Gly Ser Glu

1430 1435 1440

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1445 1450 1455

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1460 1465 1470

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1475 1480 1485

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu

1490 1495 1500

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1505 1510 1515

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1520 1525 1530

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1535 1540 1545

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1550 1555 1560

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1565 1570 1575

Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1580

<210> 1571

<211> 1591

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1571

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Gly Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Lys Leu Thr Arg

1430 1435 1440

Ala Glu Thr Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1445 1450 1455

Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser

1460 1465 1470

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1475 1480 1485

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

1490 1495 1500

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1505 1510 1515

Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser

1520 1525 1530

Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu

1535 1540 1545

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

1550 1555 1560

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr

1565 1570 1575

Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1580 1585 1590

<210> 1572

<211> 1592

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1572

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Gly Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

```
        755                 760                 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
            820                 825                 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

        835                 840                 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
            980                 985                 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
        995                 1000                1005
```

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140
Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200
Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Leu Thr Pro Arg

1430 1435 1440

Ser Leu Leu Val Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1445 1450 1455

Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

1460 1465 1470

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

1475 1480 1485

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1490 1495 1500

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1505 1510 1515

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1520 1525 1530

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr

1535 1540 1545

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1550 1555 1560

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1565 1570 1575

Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1580 1585 1590

<210> 1573

<211> 2457

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1573

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp

145 150 155 160

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro

165 170 175

Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys

180 185 190

Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys

195 200 205

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu

210 215 220

Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

225 230 235 240

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly

245 250 255

Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys

260 265 270

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu

275 280 285

Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu

290 295 300

Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala

305 310 315 320

Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr
325 330 335
Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser

340 345 350
Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala
355 360 365
Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn
370 375 380
Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp
385 390 395 400
His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu

405 410 415
Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu
420 425 430
Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu
435 440 445
Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly
450 455 460
Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu

465 470 475 480
Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr
485 490 495
Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser
500 505 510
Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val
515 520 525
His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val

530 535 540
Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly
545 550 555 560
Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr

565 570 575

Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly

580 585 590

Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile

595 600 605

Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly

610 615 620

Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val

625 630 635 640

Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr

645 650 655

Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg

660 665 670

Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu

675 680 685

Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val

690 695 700

Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu

705 710 715 720

Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile

725 730 735

Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu

740 745 750

Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp

755 760 765

Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile

770 775 780

Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly

785 790 795 800

Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe

805 810 815

Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu
820 825 830
Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr
835 840 845
Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr

850 855 860
Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn
865 870 875 880
Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg
885 890 895
His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu
900 905 910
Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

915 920 925
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys
930 935 940
Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr
945 950 955 960
Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly
965 970 975
Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly

980 985 990
Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly
995 1000 1005
Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met
1010 1015 1020
Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser
1025 1030 1035
Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro

1040 1045 1050
Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp

1055 1060 1065

Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys

1070 1075 1080

Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val

1085 1090 1095

His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr

1100 1105 1110

Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala

1115 1120 1125

Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr

1130 1135 1140

Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met

1145 1150 1155

Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn

1160 1165 1170

Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp

1175 1180 1185

Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn

1190 1195 1200

Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys

1205 1210 1215

Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val

1220 1225 1230

Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg

1235 1240 1245

Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr

1250 1255 1260

Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met

1265 1270 1275

Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln

1280 1285 1290

```
Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg Leu His  Tyr Ser Gly
    1295                1300                1305
Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro Phe Ser  Trp Ile Lys
    1310                1315                1320
Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His Gly Ile  Lys Thr Gln
    1325                1330                1335
Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr Ile Ser  Gln Phe Ile

    1340                1345                1350
Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp Gln Thr  Tyr Arg Gly
    1355                1360                1365
Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe Gly Asn  Val Asp Ser
    1370                1375                1380
Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro Pro Ile  Ile Ala Arg
    1385                1390                1395
Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser Ile Arg  Ser Thr Leu

    1400                1405                1410
Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn Ser Cys  Ser Met Pro
    1415                1420                1425
Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp Ala Gln  Ile Thr Ala
    1430                1435                1440
Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr Trp Ser  Pro Ser Lys
    1445                1450                1455
Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn Ala Trp  Arg Pro Gln

    1460                1465                1470
Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val Asp Phe  Gln Lys Thr
    1475                1480                1485
Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly Val Lys  Ser Leu Leu
    1490                1495                1500
Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile Ser Ser  Ser Gln Asp
    1505                1510                1515
Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn Gly Lys  Val Lys Val
```

1520 1525 1530

Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu

1535 1540 1545

Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser

1550 1555 1560

Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu

1565 1570 1575

Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg Gly

1580 1585 1590

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1595 1600 1605

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1610 1615 1620

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1625 1630 1635

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1640 1645 1650

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1655 1660 1665

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1670 1675 1680

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1685 1690 1695

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1700 1705 1710

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1715 1720 1725

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1730 1735 1740

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1745 1750 1755

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1760 1765 1770

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1775 1780 1785

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1790 1795 1800

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1805 1810 1815

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1820 1825 1830

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1835 1840 1845

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1850 1855 1860

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1865 1870 1875

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1880 1885 1890

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1895 1900 1905

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1910 1915 1920

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1925 1930 1935

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1940 1945 1950

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1955 1960 1965

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1970 1975 1980

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1985 1990 1995

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2000 2005 2010

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2015 2020 2025

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

2030 2035 2040

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2045 2050 2055

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2060 2065 2070

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

2075 2080 2085

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2090 2095 2100

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

2105 2110 2115

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2120 2125 2130

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

2135 2140 2145

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2150 2155 2160

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2165 2170 2175

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2180 2185 2190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

2195 2200 2205

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2210 2215 2220

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2225 2230 2235

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2240 2245 2250

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

2255 2260 2265

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2270 2275 2280

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

2285 2290 2295

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2300 2305 2310

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2315 2320 2325

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2330 2335 2340

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2345 2350 2355

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2360 2365 2370

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

2375 2380 2385

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2390 2395 2400

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2405 2410 2415

Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2420 2425 2430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

2435 2440 2445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2450 2455

<210> 1574

<211> 2457

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1574

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80

Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp
145 150 155 160

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro
165 170 175

Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys
180 185 190

Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys
195 200 205

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu
210 215 220
Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro
225 230 235 240
Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly
245 250 255
Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys
260 265 270

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu
275 280 285
Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu
290 295 300
Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala
305 310 315 320
Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr
325 330 335

Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser
340 345 350
Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala
355 360 365
Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn
370 375 380
Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp
385 390 395 400

His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu
405 410 415
Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu
420 425 430
Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu

435 440 445

Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly

450 455 460

Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu

465 470 475 480

Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr

485 490 495

Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser

500 505 510

Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val

515 520 525

His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val

530 535 540

Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly

545 550 555 560

Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr

565 570 575

Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly

580 585 590

Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile

595 600 605

Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly

610 615 620

Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val

625 630 635 640

Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr

645 650 655

Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg

660 665 670

Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu

675 680 685

Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val
690 695 700
Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu
705 710 715 720

Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile
725 730 735
Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu
740 745 750
Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp
755 760 765
Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile
770 775 780

Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly
785 790 795 800
Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe
805 810 815
Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu
820 825 830
Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr
835 840 845

Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr
850 855 860
Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn
865 870 875 880
Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg
885 890 895
His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu
900 905 910

Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe
915 920 925
Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys

930 935 940

Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr

945 950 955 960

Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

965 970 975

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly

980 985 990

Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly

995 1000 1005

Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met

1010 1015 1020

Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser

1025 1030 1035

Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro

1040 1045 1050

Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp

1055 1060 1065

Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys

1070 1075 1080

Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val

1085 1090 1095

His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr

1100 1105 1110

Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala

1115 1120 1125

Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr

1130 1135 1140

Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met

1145 1150 1155

Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn

1160 1165 1170

```
Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu Val Met  Ala Gln Asp
    1175                1180                1185
Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met Gly Ser  Asn Glu Asn
    1190                1195                1200
Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val Phe Thr  Val Arg Lys
    1205                1210                1215

Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn Leu Tyr  Pro Gly Val
    1220                1225                1230
Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys Ala Gly  Ile Trp Arg
    1235                1240                1245
Val Glu  Cys Leu Ile Gly Glu  His Leu His Ala Gly  Met Ser Thr
    1250                1255                1260
Leu Phe  Leu Val Tyr Ser Asn  Lys Cys Gln Thr Pro  Leu Gly Met
    1265                1270                1275

Ala Ser  Gly His Ile Arg Asp  Phe Gln Ile Thr Ala  Ser Gly Gln
    1280                1285                1290
Tyr Gly  Gln Trp Ala Pro Lys  Leu Ala Arg Leu His  Tyr Ser Gly
    1295                1300                1305
Ser Ile  Asn Ala Trp Ser Thr  Lys Glu Pro Phe Ser  Trp Ile Lys
    1310                1315                1320
Val Asp  Leu Leu Ala Pro Met  Ile Ile His Gly Ile  Lys Thr Gln
    1325                1330                1335

Gly Ala  Arg Gln Lys Phe Ser  Ser Leu Tyr Ile Ser  Gln Phe Ile
    1340                1345                1350
Ile Met  Tyr Ser Leu Asp Gly  Lys Lys Trp Gln Thr  Tyr Arg Gly
    1355                1360                1365
Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe Gly Asn  Val Asp Ser
    1370                1375                1380
Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro Pro Ile  Ile Ala Arg
    1385                1390                1395

Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser Ile Arg  Ser Thr Leu
```

1400 1405 1410

Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro

1415 1420 1425

Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala

1430 1435 1440

Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys

1445 1450 1455

Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln

1460 1465 1470

Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr

1475 1480 1485

Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu

1490 1495 1500

Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp

1505 1510 1515

Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val

1520 1525 1530

Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu

1535 1540 1545

Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser

1550 1555 1560

Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu

1565 1570 1575

Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Thr Met Thr Arg Ile Val Gly Gly Gly

1580 1585 1590

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1595 1600 1605

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1610 1615 1620

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1625 1630 1635

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1640 1645 1650
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1655 1660 1665
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1670 1675 1680
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1685 1690 1695

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1700 1705 1710
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1715 1720 1725
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1730 1735 1740
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1745 1750 1755

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1760 1765 1770
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1775 1780 1785
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1790 1795 1800
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1805 1810 1815

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1820 1825 1830
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1835 1840 1845
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1850 1855 1860
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1865 1870 1875

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1880 1885 1890
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1895 1900 1905
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1910 1915 1920
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1925 1930 1935

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1940 1945 1950
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1955 1960 1965
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1970 1975 1980
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1985 1990 1995

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
2000 2005 2010
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
2015 2020 2025
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
2030 2035 2040
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
2045 2050 2055

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
2060 2065 2070
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
2075 2080 2085
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2090 2095 2100

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
2105 2110 2115

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
2120 2125 2130
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
2135 2140 2145
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
2150 2155 2160
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
2165 2170 2175

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
2180 2185 2190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
2195 2200 2205
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2210 2215 2220
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
2225 2230 2235

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
2240 2245 2250
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
2255 2260 2265
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2270 2275 2280
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
2285 2290 2295

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
2300 2305 2310
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
2315 2320 2325
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2330 2335 2340

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2345 2350 2355

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2360 2365 2370

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

2375 2380 2385

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2390 2395 2400

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2405 2410 2415

Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2420 2425 2430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

2435 2440 2445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2450 2455

<210> 1575

<211> 2168

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1575

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1 5 10 15

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

20 25 30

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

35 40 45

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

50 55 60

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

65 70 75 80

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

85 90 95

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

100 105 110

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

115 120 125

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

130 135 140

Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp

145 150 155 160

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro

165 170 175

Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys

180 185 190

Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys

195 200 205

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu

210 215 220

Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

225 230 235 240

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly

245 250 255

Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys

260 265 270

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu

275 280 285

Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu

290 295 300

Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala

305 310 315 320

Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr

325 330 335

Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser

340 345 350

Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala

355 360 365

Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn

370 375 380

Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp

385 390 395 400

His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu

405 410 415

Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu

420 425 430

Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu

435 440 445

Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly

450 455 460

Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu

465 470 475 480

Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr

485 490 495

Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser

500 505 510

Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val

515 520 525

His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val

530 535 540

Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly

545 550 555 560

Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr
565 570 575
Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly

580 585 590
Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile
595 600 605
Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly
610 615 620
Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val
625 630 635 640
Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr

645 650 655
Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg
660 665 670
Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu
675 680 685
Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val
690 695 700
Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu

705 710 715 720
Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile
725 730 735
Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu
740 745 750
Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp
755 760 765
Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile

770 775 780
Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly
785 790 795 800
Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe

805 810 815

Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu

820 825 830

Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr

835 840 845

Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr

850 855 860

Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn

865 870 875 880

Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg

885 890 895

His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu

900 905 910

Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

915 920 925

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys

930 935 940

Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr

945 950 955 960

Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

965 970 975

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly

980 985 990

Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly

995 1000 1005

Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met

1010 1015 1020

Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser

1025 1030 1035

Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro

1040 1045 1050

Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp
1055 1060 1065
Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys
1070 1075 1080
Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val

1085 1090 1095
His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr
1100 1105 1110
Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala
1115 1120 1125
Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr
1130 1135 1140
Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met

1145 1150 1155
Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn
1160 1165 1170
Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp
1175 1180 1185
Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn
1190 1195 1200
Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys

1205 1210 1215
Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val
1220 1225 1230
Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg
1235 1240 1245
Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr
1250 1255 1260
Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met

1265 1270 1275
Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln

1280 1285 1290

Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly

1295 1300 1305

Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys

1310 1315 1320

Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln

1325 1330 1335

Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile

1340 1345 1350

Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly

1355 1360 1365

Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser

1370 1375 1380

Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg

1385 1390 1395

Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro

1415 1420 1425

Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala

1430 1435 1440

Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys

1445 1450 1455

Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln

1460 1465 1470

Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr

1475 1480 1485

Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu

1490 1495 1500

Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp

1505 1510 1515

Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val

1520 1525 1530

Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu

1535 1540 1545

Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser

1550 1555 1560

Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu

1565 1570 1575

Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Pro

1580 1585 1590

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1595 1600 1605

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1610 1615 1620

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1625 1630 1635

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1640 1645 1650

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1655 1660 1665

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1670 1675 1680

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1685 1690 1695

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1700 1705 1710

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1715 1720 1725

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1730 1735 1740

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

1745 1750 1755

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1760 1765 1770

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1775 1780 1785

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1790 1795 1800

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1805 1810 1815

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1820 1825 1830

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

1835 1840 1845

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1850 1855 1860

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1865 1870 1875

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1880 1885 1890

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

1895 1900 1905

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1910 1915 1920

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1925 1930 1935

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1940 1945 1950

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1955 1960 1965

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1970 1975 1980

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1985 1990 1995

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

2000 2005 2010

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

2015 2020 2025

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

2030 2035 2040

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2045 2050 2055

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

2060 2065 2070

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

2075 2080 2085

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

2090 2095 2100

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

2105 2110 2115

Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

2120 2125 2130

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

2135 2140 2145

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

2150 2155 2160

Ser Ser Thr Gly Ser

2165

<210> 1576

<211> 2456

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1576

```
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1               5                  10                  15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
            20                  25                  30
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
        35                  40                  45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
    50                  55                  60
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65                  70                  75                  80
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
                85                  90                  95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
            100                 105                 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
        115                 120                 125
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
    130                 135                 140
Gly Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu
145                 150                 155                 160
Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu
                165                 170                 175

Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro
            180                 185                 190
Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr
        195                 200                 205
Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu
    210                 215                 220
Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr
```

225 230 235 240

Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val
245 250 255
Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser
260 265 270
Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr
275 280 285
Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro
290 295 300

Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp
305 310 315 320
Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser
325 330 335
Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe
340 345 350
Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser
355 360 365

Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met
370 375 380
His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly
385 390 395 400
Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr
405 410 415
Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg
420 425 430

Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr
435 440 445
Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His
450 455 460
Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp
465 470 475 480

Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala
485 490 495

Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg
500 505 510

Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala
515 520 525

Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu
530 535 540

Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr
545 550 555 560

Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr
565 570 575

Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg
580 585 590

Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly
595 600 605

Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg
610 615 620

Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr
625 630 635 640

Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile
645 650 655

Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp
660 665 670

Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser
675 680 685

Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu
690 695 700

Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met
705 710 715 720

Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg

725 730 735

Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala

740 745 750

Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His

755 760 765

Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu

770 775 780

His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp

785 790 795 800

Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val

805 810 815

Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe

820 825 830

Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser

835 840 845

Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys

850 855 860

Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser

865 870 875 880

Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser

885 890 895

Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

900 905 910

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser

915 920 925

Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn

930 935 940

Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala

945 950 955 960

Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val

965 970 975

Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
980 985 990
Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg
995 1000 1005

Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg
1010 1015 1020
Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala
1025 1030 1035
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu
1040 1045 1050
Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro
1055 1060 1065

Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala
1070 1075 1080
Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser
1085 1090 1095
Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
1100 1105 1110
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg
1115 1120 1125

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp
1130 1135 1140
Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys
1145 1150 1155
Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu
1160 1165 1170
Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu
1175 1180 1185

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu
1190 1195 1200
Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1205 1210 1215

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1220 1225 1230

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1235 1240 1245

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1250 1255 1260

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1265 1270 1275

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1280 1285 1290

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1295 1300 1305

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1310 1315 1320

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1325 1330 1335

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1340 1345 1350

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1355 1360 1365

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1370 1375 1380

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1385 1390 1395

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1400 1405 1410

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1415 1420 1425

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1430 1435 1440

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met
1445 1450 1455
Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly
1460 1465 1470
Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp
1475 1480 1485

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr
1490 1495 1500
Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu
1505 1510 1515
Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe
1520 1525 1530
Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser
1535 1540 1545

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg
1550 1555 1560
Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu
1565 1570 1575
Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Gly
1580 1585 1590
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1595 1600 1605

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1610 1615 1620
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
1625 1630 1635
Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1640 1645 1650
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
1655 1660 1665

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1670 1675 1680

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1685 1690 1695

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1700 1705 1710

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1715 1720 1725

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1730 1735 1740

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1745 1750 1755

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1760 1765 1770

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1775 1780 1785

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1790 1795 1800

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1805 1810 1815

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1835 1840 1845

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1850 1855 1860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1865 1870 1875

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1880 1885 1890

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1895 1900 1905

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
1910 1915 1920
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1925 1930 1935
Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
1940 1945 1950
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
1955 1960 1965

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
1970 1975 1980
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
1985 1990 1995
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2000 2005 2010
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2015 2020 2025

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
2030 2035 2040
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2045 2050 2055
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2060 2065 2070
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
2075 2080 2085

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2090 2095 2100
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2105 2110 2115
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2120 2125 2130
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

2135 2140 2145

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
2150 2155 2160
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2165 2170 2175
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2180 2185 2190
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
2195 2200 2205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2210 2215 2220
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2225 2230 2235
Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2240 2245 2250
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
2255 2260 2265

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2270 2275 2280
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr
2285 2290 2295
Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
2300 2305 2310
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
2315 2320 2325

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr
2330 2335 2340
Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
2345 2350 2355
Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2360 2365 2370

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
2375 2380 2385

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser
2390 2395 2400
Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
2405 2410 2415
Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
2420 2425 2430
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
2435 2440 2445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
2450 2455
<210> 1577
<211> 2457
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1577
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp

145 150 155 160

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro

165 170 175

Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys

180 185 190

Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys

195 200 205

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu

210 215 220

Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

225 230 235 240

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly

245 250 255

Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys

260 265 270

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu

275 280 285

Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu

290 295 300

Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala

305 310 315 320

Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr

325 330 335

Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser

340 345 350

Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala

355 360 365

Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn

370 375 380

Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp

385 390 395 400

His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu

405 410 415

Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu

420 425 430

Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu

435 440 445

Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly

450 455 460

Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu

465 470 475 480

Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr

485 490 495

Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser

500 505 510

Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val

515 520 525

His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val

530 535 540

Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly

545 550 555 560

Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr

565 570 575

Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly

580 585 590

Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile
595 600 605
Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly

610 615 620
Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val
625 630 635 640
Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr
645 650 655
Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg
660 665 670
Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu

675 680 685
Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val
690 695 700
Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu
705 710 715 720
Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile
725 730 735
Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu

740 745 750
Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp
755 760 765
Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile
770 775 780
Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly
785 790 795 800
Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe

805 810 815
Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu
820 825 830
Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr

835 840 845

Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr

850 855 860

Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn

865 870 875 880

Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg

885 890 895

His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu

900 905 910

Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe

915 920 925

Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys

930 935 940

Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr

945 950 955 960

Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

965 970 975

Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly

980 985 990

Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly

995 1000 1005

Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met

1010 1015 1020

Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser

1025 1030 1035

Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro

1040 1045 1050

Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp

1055 1060 1065

Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys

1070 1075 1080

Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val

1085 1090 1095

His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr

1100 1105 1110

Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala

1115 1120 1125

Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr

1130 1135 1140

Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met

1145 1150 1155

Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn

1160 1165 1170

Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp

1175 1180 1185

Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn

1190 1195 1200

Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys

1205 1210 1215

Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val

1220 1225 1230

Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg

1235 1240 1245

Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr

1250 1255 1260

Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met

1265 1270 1275

Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln

1280 1285 1290

Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly

1295 1300 1305

Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys

1310 1315 1320

Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln

1325 1330 1335

Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile

1340 1345 1350

Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly

1355 1360 1365

Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser

1370 1375 1380

Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg

1385 1390 1395

Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu

1400 1405 1410

Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro

1415 1420 1425

Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala

1430 1435 1440

Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys

1445 1450 1455

Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln

1460 1465 1470

Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr

1475 1480 1485

Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu

1490 1495 1500

Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp

1505 1510 1515

Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val

1520 1525 1530

Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu

1535 1540 1545

Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser

1550 1555 1560

Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu

1565 1570 1575

Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val Gly

1580 1585 1590

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1595 1600 1605

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1610 1615 1620

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1625 1630 1635

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1640 1645 1650

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1655 1660 1665

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

1670 1675 1680

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1685 1690 1695

Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1700 1705 1710

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1715 1720 1725

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1730 1735 1740

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1745 1750 1755

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1760 1765 1770

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1775 1780 1785

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1790 1795 1800

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1805 1810 1815

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

1820 1825 1830

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1835 1840 1845

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1850 1855 1860

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1865 1870 1875

Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1880 1885 1890

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1895 1900 1905

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1910 1915 1920

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1925 1930 1935

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1940 1945 1950

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1955 1960 1965

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1970 1975 1980

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1985 1990 1995

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2000 2005 2010

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2015 2020 2025

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

2030 2035 2040

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2045 2050 2055

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2060 2065 2070

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

2075 2080 2085

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2090 2095 2100

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

2105 2110 2115

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2120 2125 2130

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

2135 2140 2145

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2150 2155 2160

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2165 2170 2175

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2180 2185 2190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

2195 2200 2205

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2210 2215 2220

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2225 2230 2235

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2240 2245 2250

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

2255 2260 2265

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2270 2275 2280

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

2285 2290 2295

Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

2300 2305 2310

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

2315 2320 2325

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

2330 2335 2340

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

2345 2350 2355

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2360 2365 2370

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro

2375 2380 2385

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro

2390 2395 2400

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

2405 2410 2415

Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

2420 2425 2430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

2435 2440 2445

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2450 2455

<210> 1578

<211> 3351

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1578

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225 230 235 240
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365
Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
515 520 525
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
580 585 590
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
645 650 655
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp

865 870 875 880

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro

885 890 895

Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys

900 905 910

Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys

915 920 925

Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu

930 935 940

Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

945 950 955 960

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly
965 970 975
Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys
980 985 990

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu
995 1000 1005
Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr
1010 1015 1020
Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile
1025 1030 1035
Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys
1040 1045 1050

Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp
1055 1060 1065
Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln
1070 1075 1080
Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr
1085 1090 1095
Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys
1100 1105 1110

His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr
1115 1120 1125
Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
1130 1135 1140
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe
1145 1150 1155
Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu
1160 1165 1170

Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr
1175 1180 1185
Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys

1190 1195 1200

Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser

1205 1210 1215

Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

1220 1225 1230

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val

1235 1240 1245

His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu

1250 1255 1260

Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn

1265 1270 1275

Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe

1280 1285 1290

Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln

1295 1300 1305

His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly

1310 1315 1320

Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr

1325 1330 1335

Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser

1340 1345 1350

Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile

1355 1360 1365

Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu

1370 1375 1380

Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr

1385 1390 1395

Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile

1400 1405 1410

Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly

1415 1420 1425

Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val
1430 1435 1440
Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg
1445 1450 1455
Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
1460 1465 1470

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp
1475 1480 1485
Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr
1490 1495 1500
Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe
1505 1510 1515
Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu
1520 1525 1530

Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu
1535 1540 1545
Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
1550 1555 1560
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys
1565 1570 1575
Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala
1580 1585 1590

Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser
1595 1600 1605
Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg Gln Lys Gln Phe Asn Ala
1610 1615 1620
Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys Thr Asp Pro Trp Phe
1625 1630 1635
Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn Val Ser Ser Ser
1640 1645 1650

Asp Leu Leu Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro His Gly Leu

1655 1660 1665

Ser Leu Ser Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe Ser Asp

1670 1675 1680

Asp Pro Ser Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser Glu

1685 1690 1695

Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val

1700 1705 1710

Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu

1715 1720 1725

Gly Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val

1730 1735 1740

Ser Ser Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn

1745 1750 1755

Leu Ala Ala Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser

1760 1765 1770

Met Pro Val His Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly

1775 1780 1785

Lys Lys Ser Ser Pro Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu

1790 1795 1800

Ser Glu Glu Asn Asn Asp Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met

1805 1810 1815

Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu

1820 1825 1830

Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly Lys Arg Ala His Gly Pro Ala Leu

1835 1840 1845

Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys Val Ser Ile Ser Leu Leu

1850 1855 1860

Lys Thr Asn Lys Thr Ser Asn Asn Ser Ala Thr Asn Arg Lys Thr

1865 1870 1875

His Ile Asp Gly Pro Ser Leu Leu Ile Glu Asn Ser Pro Ser Val

1880 1885 1890

```
Trp Gln  Asn Ile Leu Glu Ser  Asp Thr Glu Phe Lys  Lys Val Thr
    1895                 1900                 1905
Pro Leu  Ile His Asp Arg Met  Leu Met Asp Lys Asn  Ala Thr Ala
    1910                 1915                 1920
Leu Arg  Leu Asn His Met Ser  Asn Lys Thr Thr Ser  Ser Lys Asn
    1925                 1930                 1935
Met Glu  Met Val Gln Gln Lys  Lys Glu Gly Pro Ile  Pro Pro Asp
    1940                 1945                 1950

Ala Gln  Asn Pro Asp Met Ser  Phe Phe Lys Met Leu  Phe Leu Pro
    1955                 1960                 1965
Glu Ser  Ala Arg Trp Ile Gln  Arg Thr His Gly Lys  Asn Ser Leu
    1970                 1975                 1980
Asn Ser  Gly Gln Gly Pro Ser  Pro Lys Gln Leu Val  Ser Leu Gly
    1985                 1990                 1995
Pro Glu  Lys Ser Val Glu Gly  Gln Asn Phe Leu Ser  Glu Lys Asn
    2000                 2005                 2010

Lys Val  Val Val Gly Lys Gly  Glu Phe Thr Lys Asp  Val Gly Leu
    2015                 2020                 2025
Lys Glu  Met Val Phe Pro Ser  Ser Arg Asn Leu Phe  Leu Thr Asn
    2030                 2035                 2040
Leu Asp  Asn Leu His Glu Asn  Asn Thr His Asn Gln  Glu Lys Lys
    2045                 2050                 2055
Ile Gln  Glu Glu Ile Glu Lys  Lys Glu Thr Leu Ile  Gln Glu Asn
    2060                 2065                 2070

Val Val  Leu Pro Gln Ile His  Thr Val Thr Gly Thr  Lys Asn Phe
    2075                 2080                 2085
Met Lys  Asn Leu Phe Leu Leu  Ser Thr Arg Gln Asn  Val Glu Gly
    2090                 2095                 2100
Ser Tyr  Asp Gly Ala Tyr Ala  Pro Val Leu Gln Asp  Phe Arg Ser
    2105                 2110                 2115
Leu Asn  Asp Ser Thr Asn Arg  Thr Lys Lys His Thr  Ala His Phe
```

2120 2125 2130

Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln
2135 2140 2145
Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys Thr Thr Arg Ile Ser
2150 2155 2160
Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr Gln Arg Ser Lys Arg
2165 2170 2175
Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu Glu Thr Glu Leu Glu
2180 2185 2190

Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn
2195 2200 2205
Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr Gln Ile Asp Tyr Asn
2210 2215 2220
Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys
2225 2230 2235
Leu Thr Arg Ser His Ser Ile Pro Gln Ala Asn Arg Ser Pro Leu
2240 2245 2250

Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser Ile Arg Pro Ile Tyr
2255 2260 2265
Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser Ser His Leu Pro Ala
2270 2275 2280
Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val Gln Glu Ser Ser His
2285 2290 2295
Phe Leu Gln Gly Ala Lys Lys Asn Asn Leu Ser Leu Ala Ile Leu
2300 2305 2310

Thr Leu Glu Met Thr Gly Asp Gln Arg Glu Val Gly Ser Leu Gly
2315 2320 2325
Thr Ser Ala Thr Asn Ser Val Thr Tyr Lys Lys Val Glu Asn Thr
2330 2335 2340
Val Leu Pro Lys Pro Asp Leu Pro Lys Thr Ser Gly Lys Val Glu
2345 2350 2355

```
Leu Leu  Pro Lys Val His Ile  Tyr Gln Lys Asp Leu  Phe Pro Thr
    2360                 2365                 2370

Glu Thr  Ser Asn Gly Ser Pro  Gly His Leu Asp Leu  Val Glu Gly
    2375                 2380                 2385
Ser Leu  Leu Gln Gly Thr Glu  Gly Ala Ile Lys Trp  Asn Glu Ala
    2390                 2395                 2400
Asn Arg  Pro Gly Lys Val Pro  Phe Leu Arg Val Ala  Thr Glu Ser
    2405                 2410                 2415
Ser Ala  Lys Thr Pro Ser Lys  Leu Leu Asp Pro Leu  Ala Trp Asp
    2420                 2425                 2430

Asn His  Tyr Gly Thr Gln Ile  Pro Lys Glu Glu Trp  Lys Ser Gln
    2435                 2440                 2445
Glu Lys  Ser Pro Glu Lys Thr  Ala Phe Lys Lys Lys  Asp Thr Ile
    2450                 2455                 2460
Leu Ser  Leu Asn Ala Cys Glu  Ser Asn His Ala Ile  Ala Ala Ile
    2465                 2470                 2475
Asn Glu  Gly Gln Asn Lys Pro  Glu Ile Glu Val Thr  Trp Ala Lys
    2480                 2485                 2490

Gln Gly  Arg Thr Glu Arg Leu  Cys Ser Gln Asn Pro  Pro Val Leu
    2495                 2500                 2505
Lys Arg  His Gln Arg Glu Ile  Thr Arg Thr Thr Leu  Gln Ser Asp
    2510                 2515                 2520
Gln Glu  Glu Ile Asp Tyr Asp  Asp Thr Ile Ser Val  Glu Met Lys
    2525                 2530                 2535
Lys Glu  Asp Phe Asp Ile Tyr  Asp Glu Asp Glu Asn  Gln Ser Pro
    2540                 2545                 2550

Arg Ser  Phe Gln Lys Lys Thr  Arg His Tyr Phe Ile  Ala Ala Val
    2555                 2560                 2565
Glu Arg  Leu Trp Asp Tyr Gly  Met Ser Ser Ser Pro  His Val Leu
    2570                 2575                 2580
Arg Asn  Arg Ala Gln Ser Gly  Ser Val Pro Gln Phe  Lys Lys Val
```

2585 2590 2595

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

2600 2605 2610

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

2615 2620 2625

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln

2630 2635 2640

Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

2645 2650 2655

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

2660 2665 2670

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met

2675 2680 2685

Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

2690 2695 2700

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

2705 2710 2715

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

2720 2725 2730

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe

2735 2740 2745

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

2750 2755 2760

Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys

2765 2770 2775

Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr

2780 2785 2790

Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr

2795 2800 2805

Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe

2810 2815 2820

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met
2825 2830 2835
Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met
2840 2845 2850

Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly
2855 2860 2865
Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser
2870 2875 2880
Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg
2885 2890 2895
Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro
2900 2905 2910

Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser
2915 2920 2925
Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro
2930 2935 2940
Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe
2945 2950 2955
Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp
2960 2965 2970

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu
2975 2980 2985
Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn
2990 2995 3000
Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro
3005 3010 3015
Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly
3020 3025 3030

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys
3035 3040 3045
Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

3050 3055 3060

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

3065 3070 3075

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

3080 3085 3090

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

3095 3100 3105

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

3110 3115 3120

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

3125 3130 3135

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

3140 3145 3150

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

3155 3160 3165

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

3170 3175 3180

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly

3185 3190 3195

Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr

3200 3205 3210

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

3215 3220 3225

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

3230 3235 3240

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

3245 3250 3255

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

3260 3265 3270

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

3275 3280 3285

Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

3290 3295 3300

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

3305 3310 3315

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr

3320 3325 3330

Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

3335 3340 3345

Ser Ala Pro

3350

<210> 1579

<211> 3369

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (2924)..(2926)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (2937)..(2940)

<223> Any amino acid

<400> 1579

Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro

1 5 10 15

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

20 25 30

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro

35 40 45

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser

50 55 60

Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

65 70 75 80

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

85 90 95

Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro

100 105 110

Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

115 120 125

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Met Thr Arg Ile Val Gly Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu

145 150 155 160

Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu

165 170 175

Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro

180 185 190

Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr

195 200 205

Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu

210 215 220

Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr

225 230 235 240

Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val

245 250 255

Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser

260 265 270

Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr

275 280 285

Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro

290 295 300

Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp

305 310 315 320

Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser

325 330 335

Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe

340 345 350

Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser

355 360 365

Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met

370 375 380

His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly

385 390 395 400

Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr

405 410 415

Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg

420 425 430

Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr

435 440 445

Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His

450 455 460

Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp

465 470 475 480

Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala

485 490 495

Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg

500 505 510

Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala

515 520 525

Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu

530 535 540

Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr

545 550 555 560

Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr

565 570 575

Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg

580 585 590

Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly

595 600 605

Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg

610 615 620

Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr

625 630 635 640

Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile

645 650 655

Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp

660 665 670

Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser

675 680 685

Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu

690 695 700

Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met

705 710 715 720

Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg

725 730 735

Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala

740 745 750

Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His

755 760 765

Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu

770 775 780

His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp

785 790 795 800

Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val

805 810 815

```
Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe
            820                 825                 830
Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser

        835                 840                 845
Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys
    850                 855                 860
Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser
865                 870                 875                 880
Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser
                885                 890                 895
Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr

            900                 905                 910
Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys Thr Asp Pro Trp Phe Ala His
        915                 920                 925
Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn Val Ser Ser Ser Asp Leu Leu
    930                 935                 940
Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro His Gly Leu Ser Leu Ser Asp
945                 950                 955                 960
Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe Ser Asp Asp Pro Ser Pro Gly

                965                 970                 975
Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser Glu Met Thr His Phe Arg Pro
            980                 985                 990
Gln Leu His His Ser Gly Asp Met  Val Phe Thr Pro Glu  Ser Gly Leu
        995                 1000                1005
Gln Leu  Arg Leu Asn Glu Lys  Leu Gly Thr Thr Ala  Ala Thr Glu
    1010                1015                1020
Leu Lys  Lys Leu Asp Phe Lys  Val Ser Ser Thr Ser  Asn Asn Leu

    1025                1030                1035
Ile Ser  Thr Ile Pro Ser Asp  Asn Leu Ala Ala Gly  Thr Asp Asn
    1040                1045                1050
Thr Ser  Ser Leu Gly Pro Pro  Ser Met Pro Val His  Tyr Asp Ser
```

1055 1060 1065

Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys Ser Ser Pro Leu Thr

1070 1075 1080

Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu Asn Asn Asp Ser

1085 1090 1095

Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp

1100 1105 1110

Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly

1115 1120 1125

Lys Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu

1130 1135 1140

Phe Lys Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr Asn Lys Thr Ser Asn

1145 1150 1155

Asn Ser Ala Thr Asn Arg Lys Thr His Ile Asp Gly Pro Ser Leu

1160 1165 1170

Leu Ile Glu Asn Ser Pro Ser Val Trp Gln Asn Ile Leu Glu Ser

1175 1180 1185

Asp Thr Glu Phe Lys Lys Val Thr Pro Leu Ile His Asp Arg Met

1190 1195 1200

Leu Met Asp Lys Asn Ala Thr Ala Leu Arg Leu Asn His Met Ser

1205 1210 1215

Asn Lys Thr Thr Ser Ser Lys Asn Met Glu Met Val Gln Gln Lys

1220 1225 1230

Lys Glu Gly Pro Ile Pro Pro Asp Ala Gln Asn Pro Asp Met Ser

1235 1240 1245

Phe Phe Lys Met Leu Phe Leu Pro Glu Ser Ala Arg Trp Ile Gln

1250 1255 1260

Arg Thr His Gly Lys Asn Ser Leu Asn Ser Gly Gln Gly Pro Ser

1265 1270 1275

Pro Lys Gln Leu Val Ser Leu Gly Pro Glu Lys Ser Val Glu Gly

1280 1285 1290

Gln Asn Phe Leu Ser Glu Lys Asn Lys Val Val Val Gly Lys Gly

1295 1300 1305

Glu Phe Thr Lys Asp Val Gly Leu Lys Glu Met Val Phe Pro Ser

1310 1315 1320

Ser Arg Asn Leu Phe Leu Thr Asn Leu Asp Asn Leu His Glu Asn

1325 1330 1335

Asn Thr His Asn Gln Glu Lys Lys Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys

1340 1345 1350

Lys Glu Thr Leu Ile Gln Glu Asn Val Val Leu Pro Gln Ile His

1355 1360 1365

Thr Val Thr Gly Thr Lys Asn Phe Met Lys Asn Leu Phe Leu Leu

1370 1375 1380

Ser Thr Arg Gln Asn Val Glu Gly Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala

1385 1390 1395

Pro Val Leu Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg

1400 1405 1410

Thr Lys Lys His Thr Ala His Phe Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu

1415 1420 1425

Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys

1430 1435 1440

Tyr Ala Cys Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn

1445 1450 1455

Phe Val Thr Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu

1460 1465 1470

Pro Leu Glu Glu Thr Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp

1475 1480 1485

Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His Leu Thr Pro Ser

1490 1495 1500

Thr Leu Thr Gln Ile Asp Tyr Asn Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile

1505 1510 1515

Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys Leu Thr Arg Ser His Ser Ile

1520 1525 1530

Pro Gln Ala Asn Arg Ser Pro Leu Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser

1535 1540 1545

Phe Pro Ser Ile Arg Pro Ile Tyr Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln

1550 1555 1560

Asp Asn Ser Ser His Leu Pro Ala Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp

1565 1570 1575

Ser Gly Val Gln Glu Ser Ser His Phe Leu Gln Gly Ala Lys Lys

1580 1585 1590

Asn Asn Leu Ser Leu Ala Ile Leu Thr Leu Glu Met Thr Gly Asp

1595 1600 1605

Gln Arg Glu Val Gly Ser Leu Gly Thr Ser Ala Thr Asn Ser Val

1610 1615 1620

Thr Tyr Lys Lys Val Glu Asn Thr Val Leu Pro Lys Pro Asp Leu

1625 1630 1635

Pro Lys Thr Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Pro Lys Val His Ile

1640 1645 1650

Tyr Gln Lys Asp Leu Phe Pro Thr Glu Thr Ser Asn Gly Ser Pro

1655 1660 1665

Gly His Leu Asp Leu Val Glu Gly Ser Leu Leu Gln Gly Thr Glu

1670 1675 1680

Gly Ala Ile Lys Trp Asn Glu Ala Asn Arg Pro Gly Lys Val Pro

1685 1690 1695

Phe Leu Arg Val Ala Thr Glu Ser Ser Ala Lys Thr Pro Ser Lys

1700 1705 1710

Leu Leu Asp Pro Leu Ala Trp Asp Asn His Tyr Gly Thr Gln Ile

1715 1720 1725

Pro Lys Glu Glu Trp Lys Ser Gln Glu Lys Ser Pro Glu Lys Thr

1730 1735 1740

Ala Phe Lys Lys Lys Asp Thr Ile Leu Ser Leu Asn Ala Cys Glu

1745 1750 1755

Ser Asn His Ala Ile Ala Ala Ile Asn Glu Gly Gln Asn Lys Pro
1760 1765 1770
Glu Ile Glu Val Thr Trp Ala Lys Gln Gly Arg Thr Glu Arg Leu
1775 1780 1785
Cys Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile
1790 1795 1800
Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp

1805 1810 1815
Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr
1820 1825 1830
Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr
1835 1840 1845
Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
1850 1855 1860
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly

1865 1870 1875
Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp
1880 1885 1890
Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His
1895 1900 1905
Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn
1910 1915 1920
Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe

1925 1930 1935
Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala
1940 1945 1950
Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr
1955 1960 1965
Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe
1970 1975 1980
Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys

1985 1990 1995

Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr

2000 2005 2010

Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu

2015 2020 2025

Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr

2030 2035 2040

Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile

2045 2050 2055

Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala

2060 2065 2070

Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala

2075 2080 2085

Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn

2090 2095 2100

Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val

2105 2110 2115

Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro

2120 2125 2130

Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile

2135 2140 2145

Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met

2150 2155 2160

Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu

2165 2170 2175

Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser

2180 2185 2190

Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr

2195 2200 2205

Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp

2210 2215 2220

Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys

2225 2230 2235

Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln

2240 2245 2250

Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr

2255 2260 2265

Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val

2270 2275 2280

Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile

2285 2290 2295

Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser

2300 2305 2310

Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser

2315 2320 2325

Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile

2330 2335 2340

Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro

2345 2350 2355

Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg

2360 2365 2370

Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln

2375 2380 2385

Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser

2390 2395 2400

Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser

2405 2410 2415

Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val

2420 2425 2430

Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn

2435 2440 2445

Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro

2450 2455 2460

Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly

2465 2470 2475

Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Thr Met Thr Arg Ile Val Gly

2480 2485 2490

Gly Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr

2495 2500 2505

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu

2510 2515 2520

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

2525 2530 2535

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser

2540 2545 2550

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser

2555 2560 2565

Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu

2570 2575 2580

Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

2585 2590 2595

Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala

2600 2605 2610

Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr

2615 2620 2625

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser

2630 2635 2640

Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser

2645 2650 2655

Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala

2660 2665 2670

Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr

2675 2680 2685

Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro

2690 2695 2700

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

2705 2710 2715

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala

2720 2725 2730

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser

2735 2740 2745

Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Thr Pro

2750 2755 2760

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

2765 2770 2775

Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala

2780 2785 2790

Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr

2795 2800 2805

Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro

2810 2815 2820

Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu

2825 2830 2835

Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly

2840 2845 2850

Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser

2855 2860 2865

Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser

2870 2875 2880

Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser

2885 2890 2895

Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala

2900 2905 2910

Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Pro Xaa Xaa Xaa Gly Ala

2915 2920 2925

Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Xaa Xaa Xaa Xaa Ser Glu Ser

2930 2935 2940

Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

2945 2950 2955

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

2960 2965 2970

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr

2975 2980 2985

Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser

2990 2995 3000

Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

3005 3010 3015

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

3020 3025 3030

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr

3035 3040 3045

Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly

3050 3055 3060

Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

3065 3070 3075

Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

3080 3085 3090

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser

3095 3100 3105

Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser

3110 3115 3120

Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

3125 3130 3135

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro

3140 3145 3150

Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro Gly Thr Ser

3155 3160 3165

Thr Pro Glu Ser Gly Ser Ala Ser Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr

3170 3175 3180

Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly

3185 3190 3195

Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Glu Ser Pro Ser Gly Thr Ala Pro

3200 3205 3210

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr

3215 3220 3225

Ser Ser Thr Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly

3230 3235 3240

Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser Thr Pro Glu Ser Gly Ser

3245 3250 3255

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

3260 3265 3270

Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Thr Ser

3275 3280 3285

Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr

3290 3295 3300

Ala Glu Ser Pro Gly Pro Gly Ser Thr Ser Ser Thr Ala Glu Ser

3305 3310 3315

Pro Gly Pro Gly Thr Ser Pro Ser Gly Glu Ser Ser Thr Ala Pro

3320 3325 3330

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

3335 3340 3345

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

3350 3355 3360

Gly Ala Thr Gly Ser Pro

3365

<210> 1580

<211> 3350

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1580

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
210 215 220
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
245 250 255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
260 265 270
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
275 280 285
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
305 310 315 320
Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
325 330 335
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
340 345 350
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
370 375 380
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
385 390 395 400
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
405 410 415
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro
435 440 445
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
705 710 715 720
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
725 730 735
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
755 760 765
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro
770 775 780
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
785 790 795 800
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
820 825 830
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
835 840 845
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
850 855 860
Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp
865 870 875 880

Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro
885 890 895
Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys
900 905 910
Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys
915 920 925
Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu
930 935 940

Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro

945 950 955 960

Val Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly

965 970 975

Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys

980 985 990

Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu

995 1000 1005

Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr

1010 1015 1020

Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile

1025 1030 1035

Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys

1040 1045 1050

Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp

1055 1060 1065

Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln

1070 1075 1080

Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr

1085 1090 1095

Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys

1100 1105 1110

His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr

1115 1120 1125

Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val

1130 1135 1140

Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe

1145 1150 1155

Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu

1160 1165 1170

Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr

1175 1180 1185

```
Val Lys  Val Asp Ser Cys Pro  Glu Glu Pro Gln Leu  Arg Met Lys
    1190                 1195                 1200
Asn Asn  Glu Glu Ala Glu Asp  Tyr Asp Asp Asp Leu  Thr Asp Ser
    1205                 1210                 1215
Glu Met  Asp Val Val Arg Phe  Asp Asp Asp Asn Ser  Pro Ser Phe
    1220                 1225                 1230
Ile Gln  Ile Arg Ser Val Ala  Lys Lys His Pro Lys  Thr Trp Val
    1235                 1240                 1245

His Tyr  Ile Ala Ala Glu Glu  Glu Asp Trp Asp Tyr  Ala Pro Leu
    1250                 1255                 1260
Val Leu  Ala Pro Asp Asp Arg  Ser Tyr Lys Ser Gln  Tyr Leu Asn
    1265                 1270                 1275
Asn Gly  Pro Gln Arg Ile Gly  Arg Lys Tyr Lys Lys  Val Arg Phe
    1280                 1285                 1290
Met Ala  Tyr Thr Asp Glu Thr  Phe Lys Thr Arg Glu  Ala Ile Gln
    1295                 1300                 1305

His Glu  Ser Gly Ile Leu Gly  Pro Leu Leu Tyr Gly  Glu Val Gly
    1310                 1315                 1320
Asp Thr  Leu Leu Ile Ile Phe  Lys Asn Gln Ala Ser  Arg Pro Tyr
    1325                 1330                 1335
Asn Ile  Tyr Pro His Gly Ile  Thr Asp Val Arg Pro  Leu Tyr Ser
    1340                 1345                 1350
Arg Arg  Leu Pro Lys Gly Val  Lys His Leu Lys Asp  Phe Pro Ile
    1355                 1360                 1365

Leu Pro  Gly Glu Ile Phe Lys  Tyr Lys Trp Thr Val  Thr Val Glu
    1370                 1375                 1380
Asp Gly  Pro Thr Lys Ser Asp  Pro Arg Cys Leu Thr  Arg Tyr Tyr
    1385                 1390                 1395
Ser Ser  Phe Val Asn Met Glu  Arg Asp Leu Ala Ser  Gly Leu Ile
    1400                 1405                 1410
Gly Pro  Leu Leu Ile Cys Tyr  Lys Glu Ser Val Asp  Gln Arg Gly
```

1415 1420 1425

Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val
1430 1435 1440
Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg
1445 1450 1455
Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
1460 1465 1470
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp
1475 1480 1485

Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr
1490 1495 1500
Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe
1505 1510 1515
Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu
1520 1525 1530
Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu
1535 1540 1545

Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg
1550 1555 1560
Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys
1565 1570 1575
Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala
1580 1585 1590
Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser
1595 1600 1605

Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg Gln Lys Gln Phe Asn Ala
1610 1615 1620
Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys Thr Asp Pro Trp Phe
1625 1630 1635
Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn Val Ser Ser Ser
1640 1645 1650

```
Asp Leu  Leu Met Leu Leu Arg  Gln Ser Pro Thr Pro  His Gly Leu
    1655                 1660                 1665

Ser Leu  Ser Asp Leu Gln Glu  Ala Lys Tyr Glu Thr  Phe Ser Asp
    1670                 1675                 1680
Asp Pro  Ser Pro Gly Ala Ile  Asp Ser Asn Asn Ser  Leu Ser Glu
    1685                 1690                 1695
Met Thr  His Phe Arg Pro Gln  Leu His His Ser Gly  Asp Met Val
    1700                 1705                 1710
Phe Thr  Pro Glu Ser Gly Leu  Gln Leu Arg Leu Asn  Glu Lys Leu
    1715                 1720                 1725

Gly Thr  Thr Ala Ala Thr Glu  Leu Lys Lys Leu Asp  Phe Lys Val
    1730                 1735                 1740
Ser Ser  Thr Ser Asn Asn Leu  Ile Ser Thr Ile Pro  Ser Asp Asn
    1745                 1750                 1755
Leu Ala  Ala Gly Thr Asp Asn  Thr Ser Ser Leu Gly  Pro Pro Ser
    1760                 1765                 1770
Met Pro  Val His Tyr Asp Ser  Gln Leu Asp Thr Thr  Leu Phe Gly
    1775                 1780                 1785

Lys Lys  Ser Ser Pro Leu Thr  Glu Ser Gly Gly Pro  Leu Ser Leu
    1790                 1795                 1800
Ser Glu  Glu Asn Asn Asp Ser  Lys Leu Leu Glu Ser  Gly Leu Met
    1805                 1810                 1815
Asn Ser  Gln Glu Ser Ser Trp  Gly Lys Asn Val Ser  Ser Thr Glu
    1820                 1825                 1830
Ser Gly  Arg Leu Phe Lys Gly  Lys Arg Ala His Gly  Pro Ala Leu
    1835                 1840                 1845

Leu Thr  Lys Asp Asn Ala Leu  Phe Lys Val Ser Ile  Ser Leu Leu
    1850                 1855                 1860
Lys Thr  Asn Lys Thr Ser Asn  Asn Ser Ala Thr Asn  Arg Lys Thr
    1865                 1870                 1875
His Ile  Asp Gly Pro Ser Leu  Leu Ile Glu Asn Ser  Pro Ser Val
```

1880 1885 1890

Trp Gln Asn Ile Leu Glu Ser Asp Thr Glu Phe Lys Lys Val Thr

1895 1900 1905

Pro Leu Ile His Asp Arg Met Leu Met Asp Lys Asn Ala Thr Ala

1910 1915 1920

Leu Arg Leu Asn His Met Ser Asn Lys Thr Thr Ser Ser Lys Asn

1925 1930 1935

Met Glu Met Val Gln Gln Lys Lys Glu Gly Pro Ile Pro Pro Asp

1940 1945 1950

Ala Gln Asn Pro Asp Met Ser Phe Phe Lys Met Leu Phe Leu Pro

1955 1960 1965

Glu Ser Ala Arg Trp Ile Gln Arg Thr His Gly Lys Asn Ser Leu

1970 1975 1980

Asn Ser Gly Gln Gly Pro Ser Pro Lys Gln Leu Val Ser Leu Gly

1985 1990 1995

Pro Glu Lys Ser Val Glu Gly Gln Asn Phe Leu Ser Glu Lys Asn

2000 2005 2010

Lys Val Val Val Gly Lys Gly Glu Phe Thr Lys Asp Val Gly Leu

2015 2020 2025

Lys Glu Met Val Phe Pro Ser Ser Arg Asn Leu Phe Leu Thr Asn

2030 2035 2040

Leu Asp Asn Leu His Glu Asn Asn Thr His Asn Gln Glu Lys Lys

2045 2050 2055

Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys Lys Glu Thr Leu Ile Gln Glu Asn

2060 2065 2070

Val Val Leu Pro Gln Ile His Thr Val Thr Gly Thr Lys Asn Phe

2075 2080 2085

Met Lys Asn Leu Phe Leu Leu Ser Thr Arg Gln Asn Val Glu Gly

2090 2095 2100

Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu Gln Asp Phe Arg Ser

2105 2110 2115

Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys His Thr Ala His Phe
2120 2125 2130
Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu Gly Leu Gly Asn Gln
2135 2140 2145

Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys Thr Thr Arg Ile Ser
2150 2155 2160
Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr Gln Arg Ser Lys Arg
2165 2170 2175
Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu Glu Thr Glu Leu Glu
2180 2185 2190
Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr Gln Trp Ser Lys Asn
2195 2200 2205

Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr Gln Ile Asp Tyr Asn
2210 2215 2220
Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser Pro Leu Ser Asp Cys
2225 2230 2235
Leu Thr Arg Ser His Ser Ile Pro Gln Ala Asn Arg Ser Pro Leu
2240 2245 2250
Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser Ile Arg Pro Ile Tyr
2255 2260 2265

Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser Ser His Leu Pro Ala
2270 2275 2280
Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val Gln Glu Ser Ser His
2285 2290 2295
Phe Leu Gln Gly Ala Lys Lys Asn Asn Leu Ser Leu Ala Ile Leu
2300 2305 2310
Thr Leu Glu Met Thr Gly Asp Gln Arg Glu Val Gly Ser Leu Gly
2315 2320 2325

Thr Ser Ala Thr Asn Ser Val Thr Tyr Lys Lys Val Glu Asn Thr
2330 2335 2340
Val Leu Pro Lys Pro Asp Leu Pro Lys Thr Ser Gly Lys Val Glu

2345 2350 2355

Leu Leu Pro Lys Val His Ile Tyr Gln Lys Asp Leu Phe Pro Thr

2360 2365 2370

Glu Thr Ser Asn Gly Ser Pro Gly His Leu Asp Leu Val Glu Gly

2375 2380 2385

Ser Leu Leu Gln Gly Thr Glu Gly Ala Ile Lys Trp Asn Glu Ala

2390 2395 2400

Asn Arg Pro Gly Lys Val Pro Phe Leu Arg Val Ala Thr Glu Ser

2405 2410 2415

Ser Ala Lys Thr Pro Ser Lys Leu Leu Asp Pro Leu Ala Trp Asp

2420 2425 2430

Asn His Tyr Gly Thr Gln Ile Pro Lys Glu Glu Trp Lys Ser Gln

2435 2440 2445

Glu Lys Ser Pro Glu Lys Thr Ala Phe Lys Lys Lys Asp Thr Ile

2450 2455 2460

Leu Ser Leu Asn Ala Cys Glu Ser Asn His Ala Ile Ala Ala Ile

2465 2470 2475

Asn Glu Gly Gln Asn Lys Pro Glu Ile Glu Val Thr Trp Ala Lys

2480 2485 2490

Gln Gly Arg Thr Glu Arg Leu Cys Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu

2495 2500 2505

Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp

2510 2515 2520

Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

2525 2530 2535

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

2540 2545 2550

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

2555 2560 2565

Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

2570 2575 2580

```
Arg Asn  Arg Ala Gln Ser Gly  Ser Val Pro Gln Phe  Lys Lys Val
    2585                 2590                 2595
Val Phe  Gln Glu Phe Thr Asp  Gly Ser Phe Thr Gln  Pro Leu Tyr
    2600                 2605                 2610
Arg Gly  Glu Leu Asn Glu His  Leu Gly Leu Leu Gly  Pro Tyr Ile
    2615                 2620                 2625

Arg Ala  Glu Val Glu Asp Asn  Ile Met Val Thr Phe  Arg Asn Gln
    2630                 2635                 2640
Ala Ser  Arg Pro Tyr Ser Phe  Tyr Ser Ser Leu Ile  Ser Tyr Glu
    2645                 2650                 2655
Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg Lys Asn  Phe Val Lys
    2660                 2665                 2670
Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys Val Gln  His His Met
    2675                 2680                 2685

Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys Ala Trp  Ala Tyr Phe
    2690                 2695                 2700
Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His Ser Gly  Leu Ile Gly
    2705                 2710                 2715
Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu Asn Pro  Ala His Gly
    2720                 2725                 2730
Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu Phe Phe  Thr Ile Phe
    2735                 2740                 2745

Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu Asn Met  Glu Arg Asn
    2750                 2755                 2760
Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu Asp Pro  Thr Phe Lys
    2765                 2770                 2775
Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly Tyr Ile  Met Asp Thr
    2780                 2785                 2790
Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln Arg Ile  Arg Trp Tyr
    2795                 2800                 2805

Leu Leu  Ser Met Gly Ser Asn  Glu Asn Ile His Ser  Ile His Phe
```

2810 2815 2820

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met

2825 2830 2835

Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met

2840 2845 2850

Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly

2855 2860 2865

Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser

2870 2875 2880

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg

2885 2890 2895

Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro

2900 2905 2910

Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser

2915 2920 2925

Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro

2930 2935 2940

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe

2945 2950 2955

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp

2960 2965 2970

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu

2975 2980 2985

Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn

2990 2995 3000

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

3005 3010 3015

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

3020 3025 3030

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

3035 3040 3045

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn
3050 3055 3060
Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln
3065 3070 3075
Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu
3080 3085 3090
Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val
3095 3100 3105

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys
3110 3115 3120
Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu
3125 3130 3135
Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp
3140 3145 3150
Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr
3155 3160 3165

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala
3170 3175 3180
Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly
3185 3190 3195
Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
3200 3205 3210
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser
3215 3220 3225

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
3230 3235 3240
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr
3245 3250 3255
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
3260 3265 3270
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

3275 3280 3285

Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
3290 3295 3300
Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu
3305 3310 3315
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser
3320 3325 3330
Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser
3335 3340 3345

Ala Pro
3350

<210> 1581
<211> 2456
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1581

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
20 25 30
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro
50 55 60
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly
65 70 75 80
Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95
Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

115 120 125

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu

145 150 155 160

Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu

165 170 175

Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro

180 185 190

Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr

195 200 205

Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu

210 215 220

Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr

225 230 235 240

Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly Val

245 250 255

Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser

260 265 270

Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His Thr

275 280 285

Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro

290 295 300

Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys Asp

305 310 315 320

Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser

325 330 335

Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu Phe

340 345 350

Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn Ser

355 360 365

Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met

370 375 380

His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly

385 390 395 400

Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr Thr

405 410 415

Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val Arg

420 425 430

Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr

435 440 445

Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys His

450 455 460

Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp

465 470 475 480

Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala

485 490 495

Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val Arg

500 505 510

Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala

515 520 525

Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu

530 535 540

Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr

545 550 555 560

Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr

565 570 575

Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg

580 585 590

Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly

595 600 605

Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg

610 615 620

Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr

625 630 635 640

Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro Ile

645 650 655

Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu Asp

660 665 670

Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser

675 680 685

Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu

690 695 700

Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met

705 710 715 720

Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg

725 730 735

Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala

740 745 750

Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met His

755 760 765

Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu

770 775 780

His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp

785 790 795 800

Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met Val

805 810 815

Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe

820 825 830

Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn Ser

835 840 845

```
Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys
    850                 855                 860
Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser

865                 870                 875                 880
Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser
                885                 890                 895
Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr
            900                 905                 910
Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser
        915                 920                 925
Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn

    930                 935                 940
Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala
945                 950                 955                 960
Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val
                965                 970                 975
Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val
            980                 985                 990
Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly  Ser Phe Thr Gln Pro  Leu Tyr Arg

        995                 1000                1005
Gly Glu  Leu Asn Glu His Leu  Gly Leu Leu Gly Pro  Tyr Ile Arg
    1010                1015                1020
Ala Glu  Val Glu Asp Asn Ile  Met Val Thr Phe Arg  Asn Gln Ala
    1025                1030                1035
Ser Arg  Pro Tyr Ser Phe Tyr  Ser Ser Leu Ile Ser  Tyr Glu Glu
    1040                1045                1050
Asp Gln  Arg Gln Gly Ala Glu  Pro Arg Lys Asn Phe  Val Lys Pro

    1055                1060                1065
Asn Glu  Thr Lys Thr Tyr Phe  Trp Lys Val Gln His  His Met Ala
    1070                1075                1080
Pro Thr  Lys Asp Glu Phe Asp  Cys Lys Ala Trp Ala  Tyr Phe Ser
```

1085 1090 1095

Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

1100 1105 1110

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg

1115 1120 1125

Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp

1130 1135 1140

Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys

1145 1150 1155

Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu

1160 1165 1170

Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu

1175 1180 1185

Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu

1190 1195 1200

Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser

1205 1210 1215

Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala

1220 1225 1230

Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu

1235 1240 1245

Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu

1250 1255 1260

His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn

1265 1270 1275

Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp

1280 1285 1290

Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys

1295 1300 1305

Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr

1310 1315 1320

Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met

1325 1330 1335

Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser

1340 1345 1350

Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly

1355 1360 1365

Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met

1370 1375 1380

Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile

1385 1390 1395

Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr

1400 1405 1410

His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys

1415 1420 1425

Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala

1430 1435 1440

Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met

1445 1450 1455

Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly

1460 1465 1470

Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp

1475 1480 1485

Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr

1490 1495 1500

Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu

1505 1510 1515

Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe

1520 1525 1530

Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser

1535 1540 1545

Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg

1550 1555 1560

Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu

1565 1570 1575

Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Gly

1580 1585 1590

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1595 1600 1605

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1610 1615 1620

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1625 1630 1635

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1640 1645 1650

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1655 1660 1665

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

1670 1675 1680

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu

1685 1690 1695

Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1700 1705 1710

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

1715 1720 1725

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1730 1735 1740

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

1745 1750 1755

Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1760 1765 1770

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

1775 1780 1785

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1790 1795 1800

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1805 1810 1815

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

1820 1825 1830

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1835 1840 1845

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1850 1855 1860

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

1865 1870 1875

Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

1880 1885 1890

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1895 1900 1905

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

1910 1915 1920

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1925 1930 1935

Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

1940 1945 1950

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

1955 1960 1965

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

1970 1975 1980

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

1985 1990 1995

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2000 2005 2010

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

2015 2020 2025

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser

2030 2035 2040

Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2045 2050 2055

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2060 2065 2070

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2075 2080 2085

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2090 2095 2100

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2105 2110 2115

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2120 2125 2130

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

2135 2140 2145

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2150 2155 2160

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2165 2170 2175

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2180 2185 2190

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2195 2200 2205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2210 2215 2220

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2225 2230 2235

Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2240 2245 2250

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

2255 2260 2265

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2270 2275 2280

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr

2285 2290 2295

Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

2300 2305 2310

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

2315 2320 2325

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr

2330 2335 2340

Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser

2345 2350 2355

Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2360 2365 2370

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

2375 2380 2385

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser

2390 2395 2400

Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser

2405 2410 2415

Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

2420 2425 2430

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

2435 2440 2445

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2450 2455

<210> 1582

<211> 2361

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1582

Met Ala Glu Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Pro
1 5 10 15

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
20 25 30

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
35 40 45

Pro Gly Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr
50 55 60

Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr Met Gln Ser Asp Leu Gly
65 70 75 80

Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro Arg Val Pro Lys Ser Phe
85 90 95

Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys Thr Leu Phe Val Glu Phe
100 105 110

Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro Arg Pro Pro Trp Met Gly
115 120 125

Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val Tyr Asp Thr Val Val Ile
130 135 140

Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val Ser Leu His Ala Val Gly
145 150 155 160

Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala Glu Tyr Asp Asp Gln Thr
165 170 175

Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val Phe Pro Gly Gly Ser His
180 185 190

Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn Gly Pro Met Ala Ser Asp
195 200 205

Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser His Val Asp Leu Val Lys

210 215 220

Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu Leu Val Cys Arg Glu Gly
225 230 235 240
Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu His Lys Phe Ile Leu Leu
245 250 255
Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp His Ser Glu Thr Lys Asn
260 265 270
Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser Ala Arg Ala Trp Pro Lys
275 280 285

Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg Ser Leu Pro Gly Leu Ile
290 295 300
Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His Val Ile Gly Met Gly Thr
305 310 315 320
Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu Gly His Thr Phe Leu Val
325 330 335
Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile Ser Pro Ile Thr Phe Leu
340 345 350

Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly Gln Phe Leu Leu Phe Cys
355 360 365
His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met Glu Ala Tyr Val Lys Val
370 375 380
Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg Met Lys Asn Asn Glu Glu
385 390 395 400
Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp Ser Glu Met Asp Val Val
405 410 415

Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe Ile Gln Ile Arg Ser Val
420 425 430
Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His Tyr Ile Ala Ala Glu Glu
435 440 445
Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ala Pro Asp Asp Arg Ser
450 455 460

Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro Gln Arg Ile Gly Arg Lys
465 470 475 480

Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr Asp Glu Thr Phe Lys Thr
485 490 495
Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile Leu Gly Pro Leu Leu Tyr
500 505 510
Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile Phe Lys Asn Gln Ala Ser
515 520 525
Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile Thr Asp Val Arg Pro Leu
530 535 540

Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys His Leu Lys Asp Phe Pro
545 550 555 560
Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys Trp Thr Val Thr Val Glu
565 570 575
Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser
580 585 590
Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala Ser Gly Leu Ile Gly Pro
595 600 605

Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp Gln Arg Gly Asn Gln Ile
610 615 620
Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe Ser Val Phe Asp Glu Asn
625 630 635 640
Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln Arg Phe Leu Pro Asn Pro
645 650 655
Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe Gln Ala Ser Asn Ile Met
660 665 670

His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser Leu Gln Leu Ser Val Cys
675 680 685
Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu Ser Ile Gly Ala Gln Thr
690 695 700
Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr Thr Phe Lys His Lys Met

705 710 715 720

Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro Phe Ser Gly Glu Thr Val

725 730 735

Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp Ile Leu Gly Cys His Asn

740 745 750

Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala Leu Leu Lys Val Ser Ser

755 760 765

Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu Asp Ser Tyr Glu Asp Ile

770 775 780

Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala Ile Glu Pro Arg Ser Phe

785 790 795 800

Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg

805 810 815

Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

820 825 830

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu

835 840 845

Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile

850 855 860

Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His

865 870 875 880

Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys

885 890 895

Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

900 905 910

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile Arg

915 920 925

Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser

930 935 940

Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln

945 950 955 960

Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr
965 970 975
Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp
980 985 990

Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu
995 1000 1005
Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His
1010 1015 1020
Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln
1025 1030 1035
Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp
1040 1045 1050

Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn
1055 1060 1065
Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His
1070 1075 1080
Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met
1085 1090 1095
Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser
1100 1105 1110

Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr
1115 1120 1125
Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr
1130 1135 1140
Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly
1145 1150 1155
Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly
1160 1165 1170

Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro
1175 1180 1185
Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala

1190 1195 1200

Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His

1205 1210 1215

Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser

1220 1225 1230

Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile

1235 1240 1245

Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser

1250 1255 1260

Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr

1265 1270 1275

Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn

1280 1285 1290

Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile

1295 1300 1305

Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg

1310 1315 1320

Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys

1325 1330 1335

Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln

1340 1345 1350

Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser

1355 1360 1365

Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp

1370 1375 1380

Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe

1385 1390 1395

Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys

1400 1405 1410

Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser

1415 1420 1425

Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys
1430 1435 1440
Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val
1445 1450 1455
Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His
1460 1465 1470

Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu
1475 1480 1485
Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1490 1495 1500
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1505 1510 1515
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1520 1525 1530

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
1535 1540 1545
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1550 1555 1560
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1565 1570 1575
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1580 1585 1590

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro
1595 1600 1605
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1610 1615 1620
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1625 1630 1635
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1640 1645 1650

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser

1655 1660 1665

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1670 1675 1680

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

1685 1690 1695

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1700 1705 1710

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu

1715 1720 1725

Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1730 1735 1740

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1745 1750 1755

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1760 1765 1770

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro

1775 1780 1785

Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1790 1795 1800

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1805 1810 1815

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1820 1825 1830

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1835 1840 1845

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1850 1855 1860

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1865 1870 1875

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1880 1885 1890

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
1895 1900 1905
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1910 1915 1920
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
1925 1930 1935
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
1940 1945 1950

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1955 1960 1965
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1970 1975 1980
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1985 1990 1995
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
2000 2005 2010

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
2015 2020 2025
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser
2030 2035 2040
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
2045 2050 2055
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
2060 2065 2070

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
2075 2080 2085
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2090 2095 2100
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
2105 2110 2115
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2120 2125 2130

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro
2135 2140 2145
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2150 2155 2160
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
2165 2170 2175
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
2180 2185 2190

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro
2195 2200 2205
Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro
2210 2215 2220
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
2225 2230 2235
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
2240 2245 2250

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
2255 2260 2265
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
2270 2275 2280
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
2285 2290 2295
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
2300 2305 2310

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu
2315 2320 2325
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2330 2335 2340
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
2345 2350 2355

Ser Ala Pro

2360

<210> 1583

<211> 1734

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1583

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

```
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
        435                 440                 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
    450                 455                 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465                 470                 475                 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
                485                 490                 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
            500                 505                 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
        515                 520                 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
    530                 535                 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545                 550                 555                 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
                565                 570                 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
            580                 585                 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
        595                 600                 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
    610                 615                 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625                 630                 635                 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
                645                 650                 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
            660                 665                 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
```

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys Leu Thr Arg Ala
1430 1435 1440

Glu Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
1445 1450 1455
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1460 1465 1470
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1475 1480 1485
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
1490 1495 1500

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1505 1510 1515
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1520 1525 1530
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1535 1540 1545
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1550 1555 1560

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
1565 1570 1575
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
1580 1585 1590
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
1595 1600 1605
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
1610 1615 1620

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1625 1630 1635

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

1640 1645 1650

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1655 1660 1665

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1670 1675 1680

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1685 1690 1695

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1700 1705 1710

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1715 1720 1725

Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1730

<210> 1584

<211> 2310

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1584

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750
Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800
Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile

1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn

1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro

1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg

1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu

1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys Leu Thr Arg Ala

1430 1435 1440

Glu Thr Gly Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1445 1450 1455

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

1460 1465 1470

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1475 1480 1485

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1490 1495 1500

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

1505 1510 1515

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

1520 1525 1530

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1535 1540 1545

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1550 1555 1560

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1565 1570 1575

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

1580 1585 1590

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1595 1600 1605

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1610 1615 1620

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1625 1630 1635

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

1640 1645 1650

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1655 1660 1665

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1670 1675 1680

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

1685 1690 1695

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1700 1705 1710

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

1715 1720 1725

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1730 1735 1740

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1745 1750 1755

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1760 1765 1770

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala

1775 1780 1785

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1790 1795 1800

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1805 1810 1815

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1820 1825 1830

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1835 1840 1845

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1850 1855 1860

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1865 1870 1875

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

1880 1885 1890

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

1895 1900 1905

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

1910 1915 1920

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

1925 1930 1935

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

1940 1945 1950

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

1955 1960 1965

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

1970 1975 1980

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

1985 1990 1995

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

2000 2005 2010

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

2015 2020 2025

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2030 2035 2040

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

2045 2050 2055

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

2060 2065 2070

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

2075 2080 2085

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2090 2095 2100

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

2105 2110 2115

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

2135 2140 2145

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2150 2155 2160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

2165 2170 2175

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

2180 2185 2190

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

2195 2200 2205

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2210 2215 2220

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

2225 2230 2235

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

2240 2245 2250

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

2255 2260 2265

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2270 2275 2280

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

2285 2290 2295

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

2300 2305 2310

<210> 1585

<211> 2599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1585

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

```
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
```

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
740 745 750
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
755 760 765
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

770 775 780
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser
785 790 795 800
Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
805 810 815
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly
820 825 830
Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

835 840 845
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

850 855 860

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

865 870 875 880

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

885 890 895

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

900 905 910

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

915 920 925

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

965 970 975

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

995 1000 1005

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Pro Val Leu

1025 1030 1035

Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp

1040 1045 1050

Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

1055 1060 1065

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

1070 1075 1080

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

1085 1090 1095

```
Glu Arg  Leu Trp Asp Tyr Gly  Met Ser Ser Ser Pro  His Val Leu
    1100                 1105                 1110
Arg Asn  Arg Ala Gln Ser Gly  Ser Val Pro Gln Phe  Lys Lys Val
    1115                 1120                 1125
Val Phe  Gln Glu Phe Thr Asp  Gly Ser Phe Thr Gln  Pro Leu Tyr
    1130                 1135                 1140
Arg Gly  Glu Leu Asn Glu His  Leu Gly Leu Leu Gly  Pro Tyr Ile

    1145                 1150                 1155
Arg Ala  Glu Val Glu Asp Asn  Ile Met Val Thr Phe  Arg Asn Gln
    1160                 1165                 1170
Ala Ser  Arg Pro Tyr Ser Phe  Tyr Ser Ser Leu Ile  Ser Tyr Glu
    1175                 1180                 1185
Glu Asp  Gln Arg Gln Gly Ala  Glu Pro Arg Lys Asn  Phe Val Lys
    1190                 1195                 1200
Pro Asn  Glu Thr Lys Thr Tyr  Phe Trp Lys Val Gln  His His Met

    1205                 1210                 1215
Ala Pro  Thr Lys Asp Glu Phe  Asp Cys Lys Ala Trp  Ala Tyr Phe
    1220                 1225                 1230
Ser Asp  Val Asp Leu Glu Lys  Asp Val His Ser Gly  Leu Ile Gly
    1235                 1240                 1245
Pro Leu  Leu Val Cys His Thr  Asn Thr Leu Asn Pro  Ala His Gly
    1250                 1255                 1260
Arg Gln  Val Thr Val Gln Glu  Phe Ala Leu Phe Phe  Thr Ile Phe

    1265                 1270                 1275
Asp Glu  Thr Lys Ser Trp Tyr  Phe Thr Glu Asn Met  Glu Arg Asn
    1280                 1285                 1290
Cys Arg  Ala Pro Cys Asn Ile  Gln Met Glu Asp Pro  Thr Phe Lys
    1295                 1300                 1305
Glu Asn  Tyr Arg Phe His Ala  Ile Asn Gly Tyr Ile  Met Asp Thr
    1310                 1315                 1320
Leu Pro  Gly Leu Val Met Ala  Gln Asp Gln Arg Ile  Arg Trp Tyr
```

1325 1330 1335

Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe

1340 1345 1350

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met

1355 1360 1365

Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met

1370 1375 1380

Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly

1385 1390 1395

Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser

1400 1405 1410

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg

1415 1420 1425

Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro

1430 1435 1440

Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser

1445 1450 1455

Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro

1460 1465 1470

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe

1475 1480 1485

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp

1490 1495 1500

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu

1505 1510 1515

Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn

1520 1525 1530

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

1535 1540 1545

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

1550 1555 1560

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

1565 1570 1575

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

1580 1585 1590

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

1595 1600 1605

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

1610 1615 1620

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

1625 1630 1635

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

1640 1645 1650

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

1655 1660 1665

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

1670 1675 1680

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

1685 1690 1695

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

1700 1705 1710

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys

1715 1720 1725

Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1745 1750 1755

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1760 1765 1770

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1775 1780 1785

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1790 1795 1800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1805 1810 1815

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1820 1825 1830

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1835 1840 1845

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1850 1855 1860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1865 1870 1875

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1880 1885 1890

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1895 1900 1905

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1910 1915 1920

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1925 1930 1935

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1940 1945 1950

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1955 1960 1965

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1970 1975 1980

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1985 1990 1995

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

2000 2005 2010

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2015 2020 2025

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2030 2035 2040

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2045 2050 2055

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2060 2065 2070

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2090 2095 2100

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2120 2125 2130

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2135 2140 2145

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2150 2155 2160

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

2165 2170 2175

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2180 2185 2190

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2195 2200 2205

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2210 2215 2220

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2225 2230 2235

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2240 2245 2250

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

2255 2260 2265

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2270 2275 2280

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2285 2290 2295

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2300 2305 2310

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2315 2320 2325

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

2330 2335 2340

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

2345 2350 2355

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

2360 2365 2370

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2375 2380 2385

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2390 2395 2400

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

2405 2410 2415

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2420 2425 2430

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2435 2440 2445

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2450 2455 2460

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

2465 2470 2475

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

2480 2485 2490

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2495 2500 2505

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2510 2515 2520

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2525 2530 2535

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

2540 2545 2550

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2555 2560 2565

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

2570 2575 2580

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2585 2590 2595

Pro

<210> 1586

<211> 2599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1586

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

740 745 750

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

755 760 765

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

770 775 780

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

785 790 795 800

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

805 810 815

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
820 825 830
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
835 840 845
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly
850 855 860
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

865 870 875 880
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr
885 890 895
Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
900 905 910
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
915 920 925
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

930 935 940
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
945 950 955 960
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
965 970 975
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
980 985 990
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

995 1000 1005
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser
1010 1015 1020
Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu
1025 1030 1035
Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp
1040 1045 1050
Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

1055 1060 1065

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

1070 1075 1080

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

1085 1090 1095

Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

1100 1105 1110

Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

1115 1120 1125

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

1130 1135 1140

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

1145 1150 1155

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln

1160 1165 1170

Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

1175 1180 1185

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

1190 1195 1200

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met

1205 1210 1215

Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

1220 1225 1230

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

1235 1240 1245

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

1250 1255 1260

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe

1265 1270 1275

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

1280 1285 1290

Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys

1295 1300 1305

Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr

1310 1315 1320

Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr

1325 1330 1335

Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe

1340 1345 1350

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met

1355 1360 1365

Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met

1370 1375 1380

Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly

1385 1390 1395

Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser

1400 1405 1410

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg

1415 1420 1425

Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro

1430 1435 1440

Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser

1445 1450 1455

Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro

1460 1465 1470

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe

1475 1480 1485

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp

1490 1495 1500

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu

1505 1510 1515

Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn

1520 1525 1530

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

1535 1540 1545

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

1550 1555 1560

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

1565 1570 1575

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

1580 1585 1590

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

1595 1600 1605

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

1610 1615 1620

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

1625 1630 1635

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

1640 1645 1650

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

1655 1660 1665

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

1670 1675 1680

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

1685 1690 1695

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

1700 1705 1710

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys

1715 1720 1725

Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1745 1750 1755

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1760 1765 1770

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1775 1780 1785

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1790 1795 1800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1805 1810 1815

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1820 1825 1830

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1835 1840 1845

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1850 1855 1860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1865 1870 1875

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1880 1885 1890

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1895 1900 1905

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1910 1915 1920

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1925 1930 1935

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1940 1945 1950

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1955 1960 1965

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1970 1975 1980

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1985 1990 1995

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

2000 2005 2010

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2015 2020 2025

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2030 2035 2040

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2045 2050 2055

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2060 2065 2070

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2090 2095 2100

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2120 2125 2130

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2135 2140 2145

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2150 2155 2160

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

2165 2170 2175

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2180 2185 2190

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2195 2200 2205

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2210 2215 2220

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2225 2230 2235

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2240 2245 2250

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

2255 2260 2265

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2270 2275 2280

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2285 2290 2295

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2300 2305 2310

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2315 2320 2325

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

2330 2335 2340

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

2345 2350 2355

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

2360 2365 2370

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2375 2380 2385

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2390 2395 2400

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

2405 2410 2415

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2420 2425 2430

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2435 2440 2445

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2450 2455 2460

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

2465 2470 2475

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

2480 2485 2490

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2495 2500 2505

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2510 2515 2520

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2525 2530 2535

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

2540 2545 2550

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2555 2560 2565

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

2570 2575 2580

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2585 2590 2595

Pro

<210> 1587

<211> 2599

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1587

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met

305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly
740 745 750
Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
755 760 765
Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

770 775 780

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

785 790 795 800

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

805 810 815

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly

820 825 830

Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

835 840 845

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

850 855 860

Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

865 870 875 880

Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

885 890 895

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

900 905 910

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly

915 920 925

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

930 935 940

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr

945 950 955 960

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly

965 970 975

Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

980 985 990

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly

995 1000 1005

Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

1010 1015 1020

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Pro Val Leu

1025 1030 1035

Lys Arg His Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp

1040 1045 1050

Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys

1055 1060 1065

Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro

1070 1075 1080

Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val

1085 1090 1095

Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu

1100 1105 1110

Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro Gln Phe Lys Lys Val

1115 1120 1125

Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe Thr Gln Pro Leu Tyr

1130 1135 1140

Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu Leu Gly Pro Tyr Ile

1145 1150 1155

Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr Phe Arg Asn Gln

1160 1165 1170

Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile Ser Tyr Glu

1175 1180 1185

Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe Val Lys

1190 1195 1200

Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His Met

1205 1210 1215

Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

1220 1225 1230

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly

1235 1240 1245

Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly

1250 1255 1260

Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe

1265 1270 1275

Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn

1280 1285 1290

Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys

1295 1300 1305

Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr

1310 1315 1320

Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr

1325 1330 1335

Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe

1340 1345 1350

Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met

1355 1360 1365

Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met

1370 1375 1380

Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly

1385 1390 1395

Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser

1400 1405 1410

Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg

1415 1420 1425

Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro

1430 1435 1440

Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser

1445 1450 1455

Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro

1460 1465 1470

Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe

1475 1480 1485

Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp

1490 1495 1500

Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu

1505 1510 1515

Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn

1520 1525 1530

Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro

1535 1540 1545

Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly

1550 1555 1560

Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys

1565 1570 1575

Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn

1580 1585 1590

Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln

1595 1600 1605

Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu

1610 1615 1620

Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val

1625 1630 1635

Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys

1640 1645 1650

Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu

1655 1660 1665

Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp

1670 1675 1680

Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr

1685 1690 1695

Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala

1700 1705 1710

Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys

1715 1720 1725

Leu Thr Arg Ala Glu Thr Gly Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1730 1735 1740

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

1745 1750 1755

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr

1760 1765 1770

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1775 1780 1785

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

1790 1795 1800

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1805 1810 1815

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1820 1825 1830

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1835 1840 1845

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1850 1855 1860

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1865 1870 1875

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1880 1885 1890

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1895 1900 1905

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1910 1915 1920

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1925 1930 1935

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1940 1945 1950

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro

1955 1960 1965

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1970 1975 1980

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

1985 1990 1995

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala

2000 2005 2010

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2015 2020 2025

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2030 2035 2040

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2045 2050 2055

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2060 2065 2070

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser

2075 2080 2085

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2090 2095 2100

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2105 2110 2115

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2120 2125 2130

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2135 2140 2145

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2150 2155 2160

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

2165 2170 2175

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser

2180 2185 2190

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2195 2200 2205

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2210 2215 2220

Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2225 2230 2235

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2240 2245 2250

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

2255 2260 2265

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

2270 2275 2280

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2285 2290 2295

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr

2300 2305 2310

Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2315 2320 2325

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

2330 2335 2340

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

2345 2350 2355

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

2360 2365 2370

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro

2375 2380 2385

Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

2390 2395 2400

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

2405 2410 2415

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr
2420 2425 2430
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
2435 2440 2445
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
2450 2455 2460
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

2465 2470 2475
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala
2480 2485 2490
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
2495 2500 2505
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr
2510 2515 2520
Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2525 2530 2535
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr
2540 2545 2550
Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro
2555 2560 2565
Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
2570 2575 2580
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

2585 2590 2595
Pro

<210> 1588
<211> 1763
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1588

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

```
Gln Thr  Tyr Arg Gly Asn Ser  Thr Gly Thr Leu Met  Val Phe Phe
    1220                1225                1230
Gly Asn  Val Asp Ser Ser Gly  Ile Lys His Asn Ile  Phe Asn Pro

    1235                1240                1245
Pro Ile  Ile Ala Arg Tyr Ile  Arg Leu His Pro Thr  His Tyr Ser
    1250                1255                1260
Ile Arg  Ser Thr Leu Arg Met  Glu Leu Met Gly Cys  Asp Leu Asn
    1265                1270                1275
Ser Cys  Ser Met Pro Leu Gly  Met Glu Ser Lys Ala  Ile Ser Asp
    1280                1285                1290
Ala Gln  Ile Thr Ala Ser Ser  Tyr Phe Thr Asn Met  Phe Ala Thr

    1295                1300                1305
Trp Ser  Pro Ser Lys Ala Arg  Leu His Leu Gln Gly  Arg Ser Asn
    1310                1315                1320
Ala Trp  Arg Pro Gln Val Asn  Asn Pro Lys Glu Trp  Leu Gln Val
    1325                1330                1335
Asp Phe  Gln Lys Thr Met Lys  Val Thr Gly Val Thr  Thr Gln Gly
    1340                1345                1350
Val Lys  Ser Leu Leu Thr Ser  Met Tyr Val Lys Glu  Phe Leu Ile

    1355                1360                1365
Ser Ser  Ser Gln Asp Gly His  Gln Trp Thr Leu Phe  Phe Gln Asn
    1370                1375                1380
Gly Lys  Val Lys Val Phe Gln  Gly Asn Gln Asp Ser  Phe Thr Pro
    1385                1390                1395
Val Val  Asn Ser Leu Asp Pro  Pro Leu Leu Thr Arg  Tyr Leu Arg
    1400                1405                1410
Ile His  Pro Gln Ser Trp Val  His Gln Ile Ala Leu  Arg Met Glu

    1415                1420                1425
Val Leu  Gly Cys Glu Ala Gln  Asp Leu Tyr Lys Leu  Thr Arg Ala
    1430                1435                1440
Glu Thr  Gly Ala Gly Ser Pro  Gly Ala Glu Thr Ala  Pro Gly Ala
```

1445 1450 1455

Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1460 1465 1470

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1475 1480 1485

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1490 1495 1500

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser

1505 1510 1515

Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser

1520 1525 1530

Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

1535 1540 1545

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1550 1555 1560

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1565 1570 1575

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1580 1585 1590

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1595 1600 1605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1610 1615 1620

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser

1625 1630 1635

Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly

1640 1645 1650

Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

1655 1660 1665

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

1670 1675 1680

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala
1685 1690 1695
Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser
1700 1705 1710
Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

1715 1720 1725
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
1730 1735 1740
Gly Ala Glu Thr Ala Glu Gln Lys Leu Ile Ser Glu Glu Asp Leu
1745 1750 1755
Ser Pro Ala Thr Gly
1760

<210> 1589

<211> 2310

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1589

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

```
            100                 105                 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
        115                 120                 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
    130                 135                 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145                 150                 155                 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
                165                 170                 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
            180                 185                 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
        195                 200                 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
    210                 215                 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225                 230                 235                 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
                245                 250                 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
            260                 265                 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
        275                 280                 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
    290                 295                 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305                 310                 315                 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
                325                 330                 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
            340                 345                 350
```

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

```
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
            980                 985                 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
        995                 1000                1005
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
    1010                1015                1020

Phe His  Ala Ile Asn Gly Tyr  Ile Met Asp Thr Leu  Pro Gly Leu
    1025                1030                1035
Val Met  Ala Gln Asp Gln Arg  Ile Arg Trp Tyr Leu  Leu Ser Met
    1040                1045                1050
Gly Ser  Asn Glu Asn Ile His  Ser Ile His Phe Ser  Gly His Val
    1055                1060                1065
Phe Thr  Val Arg Lys Lys Glu  Glu Tyr Lys Met Ala  Leu Tyr Asn
    1070                1075                1080

Leu Tyr  Pro Gly Val Phe Glu  Thr Val Glu Met Leu  Pro Ser Lys
```

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys Leu Thr Arg Ala
1430 1435 1440

Glu Thr Gly Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1445 1450 1455
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser
1460 1465 1470
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
1475 1480 1485
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1490 1495 1500

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1505 1510 1515
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1520 1525 1530
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1535 1540 1545
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser

1550 1555 1560

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1565 1570 1575
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
1580 1585 1590
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1595 1600 1605
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1610 1615 1620

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
1625 1630 1635
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
1640 1645 1650
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1655 1660 1665
Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1670 1675 1680

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
1685 1690 1695
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1700 1705 1710
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr
1715 1720 1725
Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1730 1735 1740

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1745 1750 1755
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1760 1765 1770
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala
1775 1780 1785

Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser
1790 1795 1800

Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1805 1810 1815
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1820 1825 1830
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1835 1840 1845
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1850 1855 1860

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1865 1870 1875
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
1880 1885 1890
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser
1895 1900 1905
Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
1910 1915 1920

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
1925 1930 1935
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1940 1945 1950
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
1955 1960 1965
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr
1970 1975 1980

Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
1985 1990 1995
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
2000 2005 2010
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

2015 2020 2025

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2030 2035 2040

Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

2045 2050 2055

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

2060 2065 2070

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser

2075 2080 2085

Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2090 2095 2100

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

2105 2110 2115

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

2120 2125 2130

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly

2135 2140 2145

Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2150 2155 2160

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

2165 2170 2175

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

2180 2185 2190

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr

2195 2200 2205

Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr

2210 2215 2220

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

2225 2230 2235

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

2240 2245 2250

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly
2255 2260 2265
Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr
2270 2275 2280

Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
2285 2290 2295
Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
2300 2305 2310

<210> 1590
<211> 2310
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide
<400> 1590

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95
Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335

Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp
545 550 555 560
Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Ala Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp

770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys

785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly

805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser

820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005
Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met
1040 1045 1050
Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val
1055 1060 1065
Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn
1070 1075 1080
Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp

1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr

1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val

1325 1330 1335

Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly

1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395

Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr Lys Leu Thr Arg Ala
1430 1435 1440
Glu Thr Gly Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1445 1450 1455

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
1460 1465 1470
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1475 1480 1485
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly
1490 1495 1500
Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1505 1510 1515

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1520 1525 1530
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr
1535 1540 1545
Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1550 1555 1560
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1565 1570 1575

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1580 1585 1590

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser

1595 1600 1605

Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1610 1615 1620

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1625 1630 1635

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser

1640 1645 1650

Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1655 1660 1665

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

1670 1675 1680

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1685 1690 1695

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser

1700 1705 1710

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala

1715 1720 1725

Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

1730 1735 1740

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

1745 1750 1755

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser

1760 1765 1770

Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro

1775 1780 1785

Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

1790 1795 1800

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

1805 1810 1815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1820 1825 1830
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
1835 1840 1845
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1850 1855 1860
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
1865 1870 1875

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu
1880 1885 1890
Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
1895 1900 1905
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
1910 1915 1920
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
1925 1930 1935

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser
1940 1945 1950
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
1955 1960 1965
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
1970 1975 1980
Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
1985 1990 1995

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
2000 2005 2010
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2015 2020 2025
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
2030 2035 2040
Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2045 2050 2055

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
2060 2065 2070
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
2075 2080 2085
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
2090 2095 2100
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
2105 2110 2115

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser
2120 2125 2130
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser
2135 2140 2145
Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser
2150 2155 2160
Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
2165 2170 2175

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser
2180 2185 2190
Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala
2195 2200 2205
Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
2210 2215 2220
Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
2225 2230 2235

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser
2240 2245 2250
Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro
2255 2260 2265
Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser
2270 2275 2280

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

2285 2290 2295

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

2300 2305 2310

<210> 1591

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1591

Ala Ser Thr Gly Glu Thr Gly Glu Thr Gly Glu

1 5 10

<210> 1592

<211> 2332

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1592

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Asp His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg

325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620
Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685
Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Ser Arg His Pro Ser Thr Arg
740 745 750
Gln Lys Gln Phe Asn Ala Thr Thr Ile Pro Glu Asn Asp Ile Glu Lys
755 760 765
Thr Asp Pro Trp Phe Ala His Arg Thr Pro Met Pro Lys Ile Gln Asn

770 775 780
Val Ser Ser Ser Asp Leu Leu Met Leu Leu Arg Gln Ser Pro Thr Pro
785 790 795 800
His Gly Leu Ser Leu Ser Asp Leu Gln Glu Ala Lys Tyr Glu Thr Phe
805 810 815
Ser Asp Asp Pro Ser Pro Gly Ala Ile Asp Ser Asn Asn Ser Leu Ser
820 825 830
Glu Met Thr His Phe Arg Pro Gln Leu His His Ser Gly Asp Met Val

835 840 845

Phe Thr Pro Glu Ser Gly Leu Gln Leu Arg Leu Asn Glu Lys Leu Gly

850 855 860

Thr Thr Ala Ala Thr Glu Leu Lys Lys Leu Asp Phe Lys Val Ser Ser

865 870 875 880

Thr Ser Asn Asn Leu Ile Ser Thr Ile Pro Ser Asp Asn Leu Ala Ala

885 890 895

Gly Thr Asp Asn Thr Ser Ser Leu Gly Pro Pro Ser Met Pro Val His

900 905 910

Tyr Asp Ser Gln Leu Asp Thr Thr Leu Phe Gly Lys Lys Ser Ser Pro

915 920 925

Leu Thr Glu Ser Gly Gly Pro Leu Ser Leu Ser Glu Glu Asn Asn Asp

930 935 940

Ser Lys Leu Leu Glu Ser Gly Leu Met Asn Ser Gln Glu Ser Ser Trp

945 950 955 960

Gly Lys Asn Val Ser Ser Thr Glu Ser Gly Arg Leu Phe Lys Gly Lys

965 970 975

Arg Ala His Gly Pro Ala Leu Leu Thr Lys Asp Asn Ala Leu Phe Lys

980 985 990

Val Ser Ile Ser Leu Leu Lys Thr Asn Lys Thr Ser Asn Asn Ser Ala

995 1000 1005

Thr Asn Arg Lys Thr His Ile Asp Gly Pro Ser Leu Leu Ile Glu

1010 1015 1020

Asn Ser Pro Ser Val Trp Gln Asn Ile Leu Glu Ser Asp Thr Glu

1025 1030 1035

Phe Lys Lys Val Thr Pro Leu Ile His Asp Arg Met Leu Met Asp

1040 1045 1050

Lys Asn Ala Thr Ala Leu Arg Leu Asn His Met Ser Asn Lys Thr

1055 1060 1065

Thr Ser Ser Lys Asn Met Glu Met Val Gln Gln Lys Lys Glu Gly

1070 1075 1080

Pro Ile Pro Pro Asp Ala Gln Asn Pro Asp Met Ser Phe Phe Lys

1085 1090 1095

Met Leu Phe Leu Pro Glu Ser Ala Arg Trp Ile Gln Arg Thr His

1100 1105 1110

Gly Lys Asn Ser Leu Asn Ser Gly Gln Gly Pro Ser Pro Lys Gln

1115 1120 1125

Leu Val Ser Leu Gly Pro Glu Lys Ser Val Glu Gly Gln Asn Phe

1130 1135 1140

Leu Ser Glu Lys Asn Lys Val Val Val Gly Lys Gly Glu Phe Thr

1145 1150 1155

Lys Asp Val Gly Leu Lys Glu Met Val Phe Pro Ser Ser Arg Asn

1160 1165 1170

Leu Phe Leu Thr Asn Leu Asp Asn Leu His Glu Asn Asn Thr His

1175 1180 1185

Asn Gln Glu Lys Lys Ile Gln Glu Glu Ile Glu Lys Lys Glu Thr

1190 1195 1200

Leu Ile Gln Glu Asn Val Val Leu Pro Gln Ile His Thr Val Thr

1205 1210 1215

Gly Thr Lys Asn Phe Met Lys Asn Leu Phe Leu Leu Ser Thr Arg

1220 1225 1230

Gln Asn Val Glu Gly Ser Tyr Asp Gly Ala Tyr Ala Pro Val Leu

1235 1240 1245

Gln Asp Phe Arg Ser Leu Asn Asp Ser Thr Asn Arg Thr Lys Lys

1250 1255 1260

His Thr Ala His Phe Ser Lys Lys Gly Glu Glu Glu Asn Leu Glu

1265 1270 1275

Gly Leu Gly Asn Gln Thr Lys Gln Ile Val Glu Lys Tyr Ala Cys

1280 1285 1290

Thr Thr Arg Ile Ser Pro Asn Thr Ser Gln Gln Asn Phe Val Thr

1295 1300 1305

Gln Arg Ser Lys Arg Ala Leu Lys Gln Phe Arg Leu Pro Leu Glu

1310 1315 1320

Glu Thr Glu Leu Glu Lys Arg Ile Ile Val Asp Asp Thr Ser Thr

1325 1330 1335

Gln Trp Ser Lys Asn Met Lys His Leu Thr Pro Ser Thr Leu Thr

1340 1345 1350

Gln Ile Asp Tyr Asn Glu Lys Glu Lys Gly Ala Ile Thr Gln Ser

1355 1360 1365

Pro Leu Ser Asp Cys Leu Thr Arg Ser His Ser Ile Pro Gln Ala

1370 1375 1380

Asn Arg Ser Pro Leu Pro Ile Ala Lys Val Ser Ser Phe Pro Ser

1385 1390 1395

Ile Arg Pro Ile Tyr Leu Thr Arg Val Leu Phe Gln Asp Asn Ser

1400 1405 1410

Ser His Leu Pro Ala Ala Ser Tyr Arg Lys Lys Asp Ser Gly Val

1415 1420 1425

Gln Glu Ser Ser His Phe Leu Gln Gly Ala Lys Lys Asn Asn Leu

1430 1435 1440

Ser Leu Ala Ile Leu Thr Leu Glu Met Thr Gly Asp Gln Arg Glu

1445 1450 1455

Val Gly Ser Leu Gly Thr Ser Ala Thr Asn Ser Val Thr Tyr Lys

1460 1465 1470

Lys Val Glu Asn Thr Val Leu Pro Lys Pro Asp Leu Pro Lys Thr

1475 1480 1485

Ser Gly Lys Val Glu Leu Leu Pro Lys Val His Ile Tyr Gln Lys

1490 1495 1500

Asp Leu Phe Pro Thr Glu Thr Ser Asn Gly Ser Pro Gly His Leu

1505 1510 1515

Asp Leu Val Glu Gly Ser Leu Leu Gln Gly Thr Glu Gly Ala Ile

1520 1525 1530

Lys Trp Asn Glu Ala Asn Arg Pro Gly Lys Val Pro Phe Leu Arg

1535 1540 1545

Val Ala Thr Glu Ser Ser Ala Lys Thr Pro Ser Lys Leu Leu Asp

1550 1555 1560

Pro Leu Ala Trp Asp Asn His Tyr Gly Thr Gln Ile Pro Lys Glu

1565 1570 1575

Glu Trp Lys Ser Gln Glu Lys Ser Pro Glu Lys Thr Ala Phe Lys

1580 1585 1590

Lys Lys Asp Thr Ile Leu Ser Leu Asn Ala Cys Glu Ser Asn His

1595 1600 1605

Ala Ile Ala Ala Ile Asn Glu Gly Gln Asn Lys Pro Glu Ile Glu

1610 1615 1620

Val Thr Trp Ala Lys Gln Gly Arg Thr Glu Arg Leu Cys Ser Gln

1625 1630 1635

Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr

1640 1645 1650

Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile Asp Tyr Asp Asp Thr Ile

1655 1660 1665

Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp Ile Tyr Asp Glu Asp

1670 1675 1680

Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys Thr Arg His Tyr

1685 1690 1695

Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly Met Ser Ser

1700 1705 1710

Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser Val Pro

1715 1720 1725

Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser Phe

1730 1735 1740

Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

1745 1750 1755

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val

1760 1765 1770

Thr Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser

1775 1780 1785

Leu Ile Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg

1790 1795 1800

Lys Asn Phe Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys

1805 1810 1815

Val Gln His His Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys

1820 1825 1830

Ala Trp Ala Tyr Phe Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His

1835 1840 1845

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu

1850 1855 1860

Asn Pro Ala His Gly Arg Gln Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu

1865 1870 1875

Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu

1880 1885 1890

Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro Cys Asn Ile Gln Met Glu

1895 1900 1905

Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg Phe His Ala Ile Asn Gly

1910 1915 1920

Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu Val Met Ala Gln Asp Gln

1925 1930 1935

Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met Gly Ser Asn Glu Asn Ile

1940 1945 1950

His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val Phe Thr Val Arg Lys Lys

1955 1960 1965

Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn Leu Tyr Pro Gly Val Phe

1970 1975 1980

Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys Ala Gly Ile Trp Arg Val

1985 1990 1995

Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His Ala Gly Met Ser Thr Leu

2000 2005 2010

Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln Thr Pro Leu Gly Met Ala
2015 2020 2025
Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile Thr Ala Ser Gly Gln Tyr
2030 2035 2040
Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg Leu His Tyr Ser Gly Ser

2045 2050 2055
Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro Phe Ser Trp Ile Lys Val
2060 2065 2070
Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His Gly Ile Lys Thr Gln Gly
2075 2080 2085
Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr Ile Ser Gln Phe Ile Ile
2090 2095 2100
Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp Gln Thr Tyr Arg Gly Asn

2105 2110 2115
Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe Gly Asn Val Asp Ser Ser
2120 2125 2130
Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro Pro Ile Ile Ala Arg Tyr
2135 2140 2145
Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser Ile Arg Ser Thr Leu Arg
2150 2155 2160
Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn Ser Cys Ser Met Pro Leu

2165 2170 2175
Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp Ala Gln Ile Thr Ala Ser
2180 2185 2190
Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr Trp Ser Pro Ser Lys Ala
2195 2200 2205
Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn Ala Trp Arg Pro Gln Val
2210 2215 2220
Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val Asp Phe Gln Lys Thr Met

2225 2230 2235
Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly Val Lys Ser Leu Leu Thr

2240 2245 2250

Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile Ser Ser Ser Gln Asp Gly

2255 2260 2265

His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn Gly Lys Val Lys Val Phe

2270 2275 2280

Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro Val Val Asn Ser Leu Asp

2285 2290 2295

Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg Ile His Pro Gln Ser Trp

2300 2305 2310

Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu Val Leu Gly Cys Glu Ala

2315 2320 2325

Gln Asp Leu Tyr

2330

<210> 1593

<211> 1438

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<

400> 1593

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr

1 5 10 15

Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys

35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160
His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220
Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270
Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285
Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320

Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp

340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe

355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His

370 375 380

Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu

385 390 395 400

Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro

405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr

420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile

435 440 445

Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile

450 455 460

Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile

465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys

485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys

500 505 510

Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765

Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780

Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830

Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser

835 840 845

Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu

850 855 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr

865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile

885 890 895

Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe

900 905 910

Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His

915 920 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe

930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro

945 950 955 960

Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln

965 970 975

Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr

980 985 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro

995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys
1085 1090 1095
Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His
1100 1105 1110
Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln
1115 1120 1125
Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile
1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg
1145 1150 1155
Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro
1160 1165 1170
Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His
1175 1180 1185
Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr
1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp
1205 1210 1215
Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe
1220 1225 1230
Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro
1235 1240 1245
Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn

1310 1315 1320

Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380

Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1430 1435

<210> 1594

<211> 1438

<212>

PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1594

Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro
20 25 30
Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45

Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro

50 55 60

Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val

65 70 75 80

Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val

85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala

100 105 110

Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val

115 120 125

Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn

130 135 140

Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser

145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu

165 170 175

Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu

180 185 190

His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp

195 200 205

His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser

210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg

225 230 235 240

Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His

245 250 255

Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu

260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile

275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly

290 295 300

Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350
Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365

Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415
Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430

Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480
Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495

His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys
515 520 525
Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala
530 535 540
Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe
565 570 575
Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln
580 585 590
Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe
595 600 605
Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser
610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu
625 630 635 640
Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr
645 650 655
Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro
660 665 670
Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp
675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala
690 695 700
Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu
705 710 715 720
Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala
725 730 735
Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His
740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile
755 760 765
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
770 775 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785 790 795 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
805 810 815

Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
820 825 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
835 840 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
850 855 860
Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865 870 875 880

Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
885 890 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
900 905 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
915 920 925
Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
930 935 940

Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945 950 955 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
965 970 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
980 985 990
Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn Met Glu Arg Asn Cys Arg Ala Pro
995 1000 1005

Cys Asn Ile Gln Met Glu Asp Pro Thr Phe Lys Glu Asn Tyr Arg
1010 1015 1020
Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu
1025 1030 1035
Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser

1250 1255 1260

Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn

1265 1270 1275

Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290
Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305

Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350
Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365

Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410
Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425

Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1430 1435

<210> 1595
<211> 1438
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1595
Ala Thr Arg Arg Tyr Tyr Leu Gly Ala Val Glu Leu Ser Trp Asp Tyr
1 5 10 15
Met Gln Ser Asp Leu Gly Glu Leu Pro Val Asp Ala Arg Phe Pro Pro

20 25 30

Arg Val Pro Lys Ser Phe Pro Phe Asn Thr Ser Val Val Tyr Lys Lys
35 40 45
Thr Leu Phe Val Glu Phe Thr Val His Leu Phe Asn Ile Ala Lys Pro
50 55 60
Arg Pro Pro Trp Met Gly Leu Leu Gly Pro Thr Ile Gln Ala Glu Val
65 70 75 80
Tyr Asp Thr Val Val Ile Thr Leu Lys Asn Met Ala Ser His Pro Val
85 90 95

Ser Leu His Ala Val Gly Val Ser Tyr Trp Lys Ala Ser Glu Gly Ala
100 105 110
Glu Tyr Asp Asp Gln Thr Ser Gln Arg Glu Lys Glu Asp Asp Lys Val
115 120 125
Phe Pro Gly Gly Ser His Thr Tyr Val Trp Gln Val Leu Lys Glu Asn
130 135 140
Gly Pro Met Ala Ser Asp Pro Leu Cys Leu Thr Tyr Ser Tyr Leu Ser
145 150 155 160

His Val Asp Leu Val Lys Asp Leu Asn Ser Gly Leu Ile Gly Ala Leu
165 170 175
Leu Val Cys Arg Glu Gly Ser Leu Ala Lys Glu Lys Thr Gln Thr Leu
180 185 190
His Lys Phe Ile Leu Leu Phe Ala Val Phe Asp Glu Gly Lys Ser Trp
195 200 205
His Ser Glu Thr Lys Asn Ser Leu Met Gln Asp Arg Asp Ala Ala Ser
210 215 220

Ala Arg Ala Trp Pro Lys Met His Thr Val Asn Gly Tyr Val Asn Arg
225 230 235 240
Ser Leu Pro Gly Leu Ile Gly Cys His Arg Lys Ser Val Tyr Trp His
245 250 255
Val Ile Gly Met Gly Thr Thr Pro Glu Val His Ser Ile Phe Leu Glu
260 265 270

Gly His Thr Phe Leu Val Arg Asn His Arg Gln Ala Ser Leu Glu Ile
275 280 285

Ser Pro Ile Thr Phe Leu Thr Ala Gln Thr Leu Leu Met Asp Leu Gly
290 295 300
Gln Phe Leu Leu Phe Cys His Ile Ser Ser His Gln His Asp Gly Met
305 310 315 320
Glu Ala Tyr Val Lys Val Asp Ser Cys Pro Glu Glu Pro Gln Leu Arg
325 330 335
Met Lys Asn Asn Glu Glu Ala Glu Asp Tyr Asp Asp Asp Leu Thr Asp
340 345 350

Ser Glu Met Asp Val Val Arg Phe Asp Asp Asp Asn Ser Pro Ser Phe
355 360 365
Ile Gln Ile Arg Ser Val Ala Lys Lys His Pro Lys Thr Trp Val His
370 375 380
Tyr Ile Ala Ala Glu Glu Glu Asp Trp Asp Tyr Ala Pro Leu Val Leu
385 390 395 400
Ala Pro Asp Asp Arg Ser Tyr Lys Ser Gln Tyr Leu Asn Asn Gly Pro
405 410 415

Gln Arg Ile Gly Arg Lys Tyr Lys Lys Val Arg Phe Met Ala Tyr Thr
420 425 430
Asp Glu Thr Phe Lys Thr Arg Glu Ala Ile Gln His Glu Ser Gly Ile
435 440 445
Leu Gly Pro Leu Leu Tyr Gly Glu Val Gly Asp Thr Leu Leu Ile Ile
450 455 460
Phe Lys Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Asn Ile Tyr Pro His Gly Ile
465 470 475 480

Thr Asp Val Arg Pro Leu Tyr Ser Arg Arg Leu Pro Lys Gly Val Lys
485 490 495
His Leu Lys Asp Phe Pro Ile Leu Pro Gly Glu Ile Phe Lys Tyr Lys
500 505 510
Trp Thr Val Thr Val Glu Asp Gly Pro Thr Lys Ser Asp Pro Arg Cys

515 520 525

Leu Thr Arg Tyr Tyr Ser Ser Phe Val Asn Met Glu Arg Asp Leu Ala

530 535 540

Ser Gly Leu Ile Gly Pro Leu Leu Ile Cys Tyr Lys Glu Ser Val Asp

545 550 555 560

Gln Arg Gly Asn Gln Ile Met Ser Asp Lys Arg Asn Val Ile Leu Phe

565 570 575

Ser Val Phe Asp Glu Asn Arg Ser Trp Tyr Leu Thr Glu Asn Ile Gln

580 585 590

Arg Phe Leu Pro Asn Pro Ala Gly Val Gln Leu Glu Asp Pro Glu Phe

595 600 605

Gln Ala Ser Asn Ile Met His Ser Ile Asn Gly Tyr Val Phe Asp Ser

610 615 620

Leu Gln Leu Ser Val Cys Leu His Glu Val Ala Tyr Trp Tyr Ile Leu

625 630 635 640

Ser Ile Gly Ala Gln Thr Asp Phe Leu Ser Val Phe Phe Ser Gly Tyr

645 650 655

Thr Phe Lys His Lys Met Val Tyr Glu Asp Thr Leu Thr Leu Phe Pro

660 665 670

Phe Ser Gly Glu Thr Val Phe Met Ser Met Glu Asn Pro Gly Leu Trp

675 680 685

Ile Leu Gly Cys His Asn Ser Asp Phe Arg Asn Arg Gly Met Thr Ala

690 695 700

Leu Leu Lys Val Ser Ser Cys Asp Lys Asn Thr Gly Asp Tyr Tyr Glu

705 710 715 720

Asp Ser Tyr Glu Asp Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Ser Lys Asn Asn Ala

725 730 735

Ile Glu Pro Arg Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His

740 745 750

Gln Arg Glu Ile Thr Arg Thr Thr Leu Gln Ser Asp Gln Glu Glu Ile

755 760 765

```
Asp Tyr Asp Asp Thr Ile Ser Val Glu Met Lys Lys Glu Asp Phe Asp
    770                 775                 780
Ile Tyr Asp Glu Asp Glu Asn Gln Ser Pro Arg Ser Phe Gln Lys Lys
785                 790                 795                 800

Thr Arg His Tyr Phe Ile Ala Ala Val Glu Arg Leu Trp Asp Tyr Gly
                805                 810                 815
Met Ser Ser Ser Pro His Val Leu Arg Asn Arg Ala Gln Ser Gly Ser
            820                 825                 830
Val Pro Gln Phe Lys Lys Val Val Phe Gln Glu Phe Thr Asp Gly Ser
        835                 840                 845
Phe Thr Gln Pro Leu Tyr Arg Gly Glu Leu Asn Glu His Leu Gly Leu
    850                 855                 860

Leu Gly Pro Tyr Ile Arg Ala Glu Val Glu Asp Asn Ile Met Val Thr
865                 870                 875                 880
Phe Arg Asn Gln Ala Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Tyr Ser Ser Leu Ile
                885                 890                 895
Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Arg Gln Gly Ala Glu Pro Arg Lys Asn Phe
            900                 905                 910
Val Lys Pro Asn Glu Thr Lys Thr Tyr Phe Trp Lys Val Gln His His
        915                 920                 925

Met Ala Pro Thr Lys Asp Glu Phe Asp Cys Lys Ala Trp Ala Tyr Phe
    930                 935                 940
Ser Asp Val Asp Leu Glu Lys Asp Val His Ser Gly Leu Ile Gly Pro
945                 950                 955                 960
Leu Leu Val Cys His Thr Asn Thr Leu Asn Pro Ala His Gly Arg Gln
                965                 970                 975
Val Thr Val Gln Glu Phe Ala Leu Phe Phe Thr Ile Phe Asp Glu Thr
            980                 985                 990

Lys Ser Trp Tyr Phe Thr Glu Asn  Met Glu Arg Asn Cys  Arg Ala Pro
        995                 1000                1005
Cys Asn  Ile Gln Met Glu Asp  Pro Thr Phe Lys Glu  Asn Tyr Arg
```

1010 1015 1020

Phe His Ala Ile Asn Gly Tyr Ile Met Asp Thr Leu Pro Gly Leu

1025 1030 1035

Val Met Ala Gln Asp Gln Arg Ile Arg Trp Tyr Leu Leu Ser Met

1040 1045 1050

Gly Ser Asn Glu Asn Ile His Ser Ile His Phe Ser Gly His Val

1055 1060 1065

Phe Thr Val Arg Lys Lys Glu Glu Tyr Lys Met Ala Leu Tyr Asn

1070 1075 1080

Leu Tyr Pro Gly Val Phe Glu Thr Val Glu Met Leu Pro Ser Lys

1085 1090 1095

Ala Gly Ile Trp Arg Val Glu Cys Leu Ile Gly Glu His Leu His

1100 1105 1110

Ala Gly Met Ser Thr Leu Phe Leu Val Tyr Ser Asn Lys Cys Gln

1115 1120 1125

Thr Pro Leu Gly Met Ala Ser Gly His Ile Arg Asp Phe Gln Ile

1130 1135 1140

Thr Ala Ser Gly Gln Tyr Gly Gln Trp Ala Pro Lys Leu Ala Arg

1145 1150 1155

Leu His Tyr Ser Gly Ser Ile Asn Ala Trp Ser Thr Lys Glu Pro

1160 1165 1170

Phe Ser Trp Ile Lys Val Asp Leu Leu Ala Pro Met Ile Ile His

1175 1180 1185

Gly Ile Lys Thr Gln Gly Ala Arg Gln Lys Phe Ser Ser Leu Tyr

1190 1195 1200

Ile Ser Gln Phe Ile Ile Met Tyr Ser Leu Asp Gly Lys Lys Trp

1205 1210 1215

Gln Thr Tyr Arg Gly Asn Ser Thr Gly Thr Leu Met Val Phe Phe

1220 1225 1230

Gly Asn Val Asp Ser Ser Gly Ile Lys His Asn Ile Phe Asn Pro

1235 1240 1245

Pro Ile Ile Ala Arg Tyr Ile Arg Leu His Pro Thr His Tyr Ser
1250 1255 1260
Ile Arg Ser Thr Leu Arg Met Glu Leu Met Gly Cys Asp Leu Asn
1265 1270 1275
Ser Cys Ser Met Pro Leu Gly Met Glu Ser Lys Ala Ile Ser Asp
1280 1285 1290

Ala Gln Ile Thr Ala Ser Ser Tyr Phe Thr Asn Met Phe Ala Thr
1295 1300 1305
Trp Ser Pro Ser Lys Ala Arg Leu His Leu Gln Gly Arg Ser Asn
1310 1315 1320
Ala Trp Arg Pro Gln Val Asn Asn Pro Lys Glu Trp Leu Gln Val
1325 1330 1335
Asp Phe Gln Lys Thr Met Lys Val Thr Gly Val Thr Thr Gln Gly
1340 1345 1350

Val Lys Ser Leu Leu Thr Ser Met Tyr Val Lys Glu Phe Leu Ile
1355 1360 1365
Ser Ser Ser Gln Asp Gly His Gln Trp Thr Leu Phe Phe Gln Asn
1370 1375 1380
Gly Lys Val Lys Val Phe Gln Gly Asn Gln Asp Ser Phe Thr Pro
1385 1390 1395
Val Val Asn Ser Leu Asp Pro Pro Leu Leu Thr Arg Tyr Leu Arg
1400 1405 1410

Ile His Pro Gln Ser Trp Val His Gln Ile Ala Leu Arg Met Glu
1415 1420 1425
Val Leu Gly Cys Glu Ala Gln Asp Leu Tyr
1430 1435
<210> 1596
<211> 864
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1596

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
50 55 60
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
195 200 205
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

210 215 220
Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

595 600 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

625 630 635 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

675 680 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

690 695 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

725 730 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
740 745 750
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
755 760 765
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
770 775 780
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

785 790 795 800
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
805 810 815
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
820 825 830
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
835 840 845
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860

<210> 1597

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide

<400> 1597

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser
1 5 10 15
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser
20 25 30
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

35 40 45
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
50 55 60
Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

65 70 75 80

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

85 90 95

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

100 105 110

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

130 135 140

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

145 150 155 160

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

165 170 175

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

180 185 190

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

210 215 220

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

225 230 235 240

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro

245 250 255

Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

260 265 270

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

275 280 285

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

290 295 300

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

305 310 315 320

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
325 330 335
Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser
340 345 350
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

355 360 365
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser
370 375 380
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
385 390 395 400
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
405 410 415
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

420 425 430
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro
435 440 445
Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly
450 455 460
Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser
465 470 475 480
Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

485 490 495
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser
500 505 510
Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser
515 520 525
Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser
530 535 540
Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

545 550 555 560
Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

565 570 575

<210> 1598

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1598

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
1 5 10 15
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30
Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
35 40 45
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
50 55 60
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

85 90 95
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly
100 105 110
Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
165 170 175
Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

210 215 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

595 600 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

625 630 635 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

675 680 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
690 695 700
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
705 710 715 720
Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

725 730 735
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
740 745 750
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
755 760 765
Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro
770 775 780
Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

785 790 795 800
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
805 810 815
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
820 825 830
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
835 840 845
Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860
<210> 1599
<211> 288
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
polypeptide
<400> 1599
Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser
1 5 10 15
Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

20 25 30

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

50 55 60

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

65 70 75 80

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

85 90 95

Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

100 105 110

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

115 120 125

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser

130 135 140

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser

145 150 155 160

Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser

165 170 175

Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

180 185 190

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser

195 200 205

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly

210 215 220

Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly

225 230 235 240

Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser

245 250 255

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

260 265 270

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

275 280 285

<210> 1600

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1600

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

20 25 30

Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

35 40 45

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

50 55 60

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

85 90 95

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly

100 105 110

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

130 135 140

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

145 150 155 160

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

165 170 175

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

180 185 190

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

195 200 205

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr

210 215 220

Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

225 230 235 240

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

245 250 255

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

260 265 270

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

275 280 285

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro

290 295 300

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

305 310 315 320

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

325 330 335

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly

340 345 350

Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

355 360 365

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

370 375 380

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr

385 390 395 400

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

405 410 415

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

420 425 430

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

435 440 445

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

450 455 460

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

465 470 475 480

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

485 490 495

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

500 505 510

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro

515 520 525

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro

530 535 540

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

545 550 555 560

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

565 570 575

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

580 585 590

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

595 600 605

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

610 615 620

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

625 630 635 640

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

645 650 655

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro

675 680 685

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala

690 695 700

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro

705 710 715 720

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser Pro

725 730 735

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

740 745 750

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

755 760 765

Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro

770 775 780

Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser

785 790 795 800

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro

805 810 815

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr

820 825 830

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala

835 840 845

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro

850 855 860

<210> 1601

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1601

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ser Ser

1 5 10 15

Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

20 25 30

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

35 40 45

Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser

50 55 60

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr

65 70 75 80

Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser

85 90 95

Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ala Ser

100 105 110

Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser

115 120 125

Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser

130 135 140

<210> 1602

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1602

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

<210> 1603

<211> 576

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1603

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

<210> 1604

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1604

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu
1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu
35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr
50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala
100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala
145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu
165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

465 470 475 480

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

485 490 495

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

500 505 510

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala

530 535 540

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

545 550 555 560

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

565 570 575

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

595 600 605

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

610 615 620

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

625 630 635 640

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

660 665 670

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

675 680 685

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

690 695 700

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

<210> 1605

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1605

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

1 5 10 15

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

20 25 30

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

35 40 45

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

65 70 75 80

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu

100 105 110

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

115 120 125

Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

145 150 155 160

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

165 170 175

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

180 185 190

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

195 200 205

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

210 215 220

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

245 250 255

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

275 280 285

<210> 1606

<211> 864

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1606

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

1 5 10 15

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

20 25 30

Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

35 40 45

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

50 55 60

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

65 70 75 80

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

85 90 95

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala

100 105 110

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

115 120 125

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

130 135 140

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala

145 150 155 160

Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

165 170 175

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

180 185 190

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr

195 200 205

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

210 215 220

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro

225 230 235 240

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

245 250 255

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

260 265 270

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

275 280 285

Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu

290 295 300

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly

305 310 315 320

Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

325 330 335

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

340 345 350

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu

355 360 365

Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

370 375 380

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr

385 390 395 400

Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

405 410 415

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

420 425 430

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

435 440 445

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

450 455 460

Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
465 470 475 480
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
485 490 495
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
500 505 510
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

515 520 525
Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala
530 535 540
Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
545 550 555 560
Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro
565 570 575
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

580 585 590
Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro
595 600 605
Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro
610 615 620
Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr
625 630 635 640
Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

645 650 655
Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro
660 665 670
Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu
675 680 685
Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr
690 695 700
Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

705 710 715 720

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu

725 730 735

Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

740 745 750

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro

755 760 765

Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Glu Pro

770 775 780

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr

785 790 795 800

Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

805 810 815

Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Glu Pro

820 825 830

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro

835 840 845

Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro

850 855 860

<210> 1607

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1607

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

85 90 95

Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Ser Pro Ala Gly

100 105 110

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

130 135 140

<210> 1608

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<400> 1608

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly

1 5 10 15

Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

20 25 30

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

65 70 75 80

Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

100 105 110

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu

115 120 125

Ser Gly Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

130 135 140

<210> 1609

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1609

Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser

1 5 10 15

Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser

20 25 30

Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly

35 40 45

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

50 55 60

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly

65 70 75 80

Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

85 90 95

Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Thr Glu

100 105 110

Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser

115 120 125

Thr Glu Glu Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly

130 135 140

<210> 1610

<211> 144

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1610

Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala
1 5 10 15
Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
20 25 30
Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Gly
35 40 45
Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu
50 55 60
Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
65 70 75 80
Ser Gly Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly
85 90 95
Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Ser Pro Ala Gly
100 105 110
Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu
115 120 125
Ser Gly Pro Gly Thr Ser Thr Glu Pro Ser Glu Gly Ser Ala Pro Gly
130 135 140

<210> 1611

<211> 19

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 1611

Met Gln Ile Glu Leu Ser Thr Cys Phe Phe Leu Cys Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15
Cys Phe Ser

<210> 1612

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1612

Gly Pro Glu Gly Pro Ser

1 5

<210> 1613

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1613

atgcaaatag agctctccac ctgcttcttt ctgtgccttt tgcgattctg ctttagt 57

<210> 1614

<211> 14

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1614

Ser Phe Ser Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg

1 5 10

<210> 1615

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1615

Gln Asn Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg

1 5 10

<210> 1616

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1616

Ser Phe Ser Gln Asn

1 5

<210> 1617

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1617

Pro Pro Val Leu Lys Arg His Gln Arg

1 5

<210> 1618

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1618

Leu Thr Pro Arg Ser Leu Leu Val

1 5

<210> 1619

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1619

aggtgaatct ccdggtggyt cyagcggttc ygartc 36

<210> 1620

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1620

acctgaytcr gaaccgctrg arccacchgg agattc 36

<210> 1621

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1621

aggtagcgaa ggttcttcyg gtccdggyga rtcytc 36

<210> 1622

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1622

acctgargay tcrcchggac crgaagaacc ttcgct 36

<210> 1623

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1623

aggttcytcy gaaagcggtt cttcygargg yggtcc 36

<210> 1624

<211> 36

<212> DNA

<213

> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1624

acctggaccr ccytcrgaag aaccgctttc rgarga 36

<210> 1625

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1625

aggttcyggt ggygaaccdt cygartctgg tagctc 36

<210> 1626

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1626

aggttcgtct tcactcgagg gtac 24

<210> 1627

<211> 16

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1627

cctcgagtga agacga 16

<210> 1628

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1628

aggtagcccd gcwggytctc cdacytcyac ygarga 36

<210> 1629

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1629

accttcytcr gtrgargthg gagarccwgc hgggct 36

<210> 1630

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1630

aggtagcgaa cckgcwacyt cyggytctga racycc 36

<210> 1631

<211> 36

<212> DNA

<213
> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1631

acctggrgty tcagarccrg argtwgcmgg ttcgct 36

<210> 1632

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1632

aggtacytct gaaagcgcwa cycckgartc yggycc 36

<210> 1633

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1633

acctggrccr gaytcmggrg twgcgctttc agargt 36

<210> 1634

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1634

aggtacytct acygaacckt cygarggyag cgcwcc 36

<210> 1635

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1635

acctggwgcg ctrccytcrg amggttcrgt agargt 36

<210> 1636

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1636

aggttctacy agcgaatcyc cktctggyac ygcwcc 36

<210> 1637

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1637

acctggwgcr gtrccagamg grgattcgct rgtaga 36

<210> 1638

<211> 36

<212> DNA

<213
> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1638

aggtacytct acycckgaaa gcggytcygc wtctcc 36

<210> 1639

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1639

acctggagaw gcrgarccgc tttcmggrgt agargt 36

<210> 1640

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1640

aggtacytcy cckagcggyg aatcttctac ygcwcc 36

<210> 1641

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1641

acctggwgcr gtagaagatt crccgctmgg rgargt 36

<210> 1642

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1642

aggttcyacy agctctacyg cwgaatctcc kggycc 36

<210> 1643

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1643

acctggrccm ggagattcwg crgtagagct rgtrga 36

<210> 1644

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1644

aggtacycck ggyagcggta cygcwtcttc ytctcc 36

<210> 1645

<211> 36

<212> DNA

<213
> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1645

acctggagar gaagawgcrg taccgctrcc mggrgt 36

<210> 1646

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1646

aggtagctct acyccktctg gtgcwacygg ytcycc 36

<210> 1647

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1647

acctggrgar ccrgtwgcac cagamggrgt agagct 36

<210> 1648

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1648

aggttctagc ccktctgcwt cyacyggtac yggycc 36

<210> 1649

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1649

acctggrccr gtaccrgtrg awgcagamgg gctaga 36

<210> 1650

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1650

aggtgcwtcy cckggyacya gctctacygg ttctcc 36

<210> 1651

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
oligonucleotide

<400> 1651

acctggagaa ccrgtagagc trgtrccmgg rgawgc 36

<210> 1652

<211> 57

<212> DNA

<213
> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1652

aggtgcaagc gcaagcggcg cgccaagcac gggaggttcg tcttcactcg agggtac 57

<210> 1653

<211> 49

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1653

cctcgagtga agacgaacct cccgtgcttg gcgcgccgct tgcgcttgc 49

<210> 1654

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1654

Gly Ala Ser Ala Ser Gly Ala Pro Ser Thr Gly

1 5 10

<210> 1655

<211> 57

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1655

aggtccagaa ccaacggggc cggccccaag cggaggttcg tcttcactcg agggtac 57

<210> 1656

<211> 49

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1656

cctcgagtga agacgaacct ccgcttgggg ccggccccgt tggttctgg 49

<210> 1657

<211> 11

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1657

Gly Pro Glu Pro Thr Gly Pro Ala Pro Ser Gly

1 5 10

<210> 1658

<211> 43

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic primer

<400> 1658

tattcccgta cggccgccac catgcaaata gagctctcca cct 43

<210> 1659

<211> 32

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic primer

<400> 1659

ggtgacctcg agcgtagagg tcctgtgcct cg 32

<210> 1660

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1660

Ala Arg Gly His Pro Phe

1 5

<210> 1661

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1661

Asn Met His Thr Gly

1 5

<210> 1662

<211> 5

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1662

Ser Pro Ala Thr Gly

1 5

<210> 1663

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1663

gtgaactctc tagacccacc g 21

<210> 1664

<211

> 37

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1664

ctcctcgagg tcgactcagt agaggtcctg tgcctcg 37

<210> 1665

<211> 92

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1665

cgaaagcgct acgcctgaga gtggccctgg ctctgagcca gccacctccg gctctgaaac 60

ccctgcctcg agcccaccag tcttgaaacg cc 92

<210> 1666

<211> 42

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1666

tgatatggta tcatcataat cgatttcctc ttgatctgac tg 42

<210> 1667

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1667

agcttgagga tccagagttc 20

<210> 1668

<211> 95

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1668

tctcaggcgt agcgctttcg cttgtcccct cttctgttga ggtgggggag ccagcaggag 60

aacctggcgc gccgttttga gagaagcttc ttggt 95

<210> 1669

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1669

tctcaaaacg gcgcgccagg tacctcagag tctgctacc 39

<210> 1670

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1670

tggtgggctc gaggctggcg cactgccttc 30

<210> 1671

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic
primer

<400> 1671

tctcaaaacg gcgcgccagg tacctcagag tctgctacc 39

<210> 1672

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1672

tggtgggctc gaggctggcg cactgccttc 30

<210> 1673

<211> 36

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1673

ggggccgaaa cggccggtac ctcagagtct gctacc 36

<210> 1674

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1674

tgttcggccg tttcggcccc tggcgcactg ccttc 35

<210> 1675

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1675

ggggccgaaa cggccccggg agcgtcacc 29

<210> 1676

<211> 35

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1676

tgttcggccg tttcggcccc tgacccggtt gcccc 35

<210> 1677

<211> 55

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1677

caggacctct acggcgcgcc agcctcgagc gaacaaaaac tcatctcaga agagg 55

<210> 1678

<211> 55

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1678

cctcttctga gatgagtttt tgttcgctcg aggctggcgc gccgtagagg tcctg 55

<210> 1679

<211> 70

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1679

ctagcatgca aatagagctc tccacctgct tctttctgtg ccttttgcga ttctgcttta 60

gtgggtctcc 70

<210> 1680

<211> 70

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

oligonucleotide

<400> 1680

acctggagac ccactaaagc agaatcgcaa aaggcacaga aagaagcagg tggagagctc 60

tatttgcatg 70

<210> 1681

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1681

atgatggcat ggaagcctat 20

<210> 1682

<211> 91

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1682

atccctcacc ttcgccagaa ccttcagaac cctcaccttc agaaccttca ccagaacctt 60

caccatcttc cgcttcttca ttatttttca t 91

<210> 1683

<211> 93

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

primer

<400> 1683

ttctggcgaa ggtgagggat ctgaaggcgg ttctgaaggt gaaggtggct ctgagggttc 60

cgaatatgat gatgatctta ctgattctga aat 93

<210> 1684

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic primer

<400> 1684

tattctctgt gaggtaccag c 21

<210> 1685

<211> 21

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic primer

<400> 1685

tattctctgt gaggtaccag c 21

<210> 1686

<211> 67

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic primer

<400> 1686

gaagctggta cctcacagag aatatacaac gctttctccc caatccaggt gaaggttctg 60

gtgaagg 67

<210> 1687

<211> 47

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic primer

<400> 1687

aactctggat cctcaagctg cactccagct tcggaaccct cagagcc 47

<210> 1688

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1688

Lys Leu Thr Arg Ala Glu Thr

1 5

<210> 1689

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223>

Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1689

Leu Gly Pro Val Ser Gly Val Pro

1 5

<210> 1690

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1690

Gly Pro Ala Gly Leu Gly Gly Ala

1 5

<210> 1691

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1691

Gly Pro Ala Gly Leu Arg Gly Ala

1 5

<210> 1692

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1692

Ala Pro Leu Gly Leu Arg Leu Arg

1 5

<210> 1693

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1693

Pro Ala Leu Pro Leu Val Ala Gln

1 5

<210> 1694

<211> 4

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1694

Gly Gly Ser Gly

1

<210> 1695

<211> 9

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1695

Phe Asp Lys Leu Pro Arg Thr Ser Gly

1 5

<210> 1696

<211> 7

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

peptide

<400> 1696

Phe Lys Leu Met Val Trp Tyr

1 5

<210> 1697

<211> 44

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

polypeptide

<220><221> MOD_RES

<222> (1)..(1)

<223> Any amino acid

<220><221> MOD_RES

<222> (44)..(44)

<223> Any amino acid

<220>

<223> see specification as filed for detailed description of

substitutions and preferred embodiments

<400> 1697

Xaa Gly Ala Pro Gly Ser Pro Ala Gly Ser Pro Thr Ser Thr Glu Glu

1 5 10 15

Gly Thr Ser Glu Ser Ala Thr Pro Glu Ser Gly Pro Gly Ser Glu Pro

20 25 30

Ala Thr Ser Gly Ser Glu Thr Pro Ala Ser Ser Xaa

35 40

<210> 1698

<211> 8

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic peptide

<400> 1698

Arg His Gln Arg Glu Ile Thr Arg
1 5

<210> 1699

<211> 288

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic polypeptide

<400> 1699

Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
1 5 10 15

Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
20 25 30

Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
35 40 45

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
50 55 60

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
65 70 75 80

Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro
85 90 95

Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro
100 105 110

Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser
115 120 125

Thr Gly Ser Pro Gly Ala Ser Pro Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro
130 135 140
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
145 150 155 160
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
165 170 175

Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
180 185 190
Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr
195 200 205
Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala
210 215 220
Thr Gly Ser Pro Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro
225 230 235 240

Gly Ser Ser Pro Ser Ala Ser Thr Gly Thr Gly Pro Gly Ala Ser Pro
245 250 255
Gly Thr Ser Ser Thr Gly Ser Pro Gly Thr Pro Gly Ser Gly Thr Ala
260 265 270
Ser Ser Ser Pro Gly Ser Ser Thr Pro Ser Gly Ala Thr Gly Ser Pro
275 280 285

<210> 1700

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<220><223> Description of Artificial Sequence: Synthetic

6xHis tag

<400> 1700

His His His His His His
1 5